

10/030937
PCT/FR00/02057

BREVET D'INVENTION

REC'D 08 SEP 2000

WIPO

PCT

CERTIFICAT D'UTILITÉ - CERTIFICAT D'ADDITION

FR00/02057

4

COPIE OFFICIELLE

Le Directeur général de l'Institut national de la propriété industrielle certifie que le document ci-annexé est la copie certifiée conforme d'une demande de titre de propriété industrielle déposée à l'Institut.

Fait à Paris, le 25 JUIN 2000

Pour le Directeur général de l'Institut
national de la propriété industrielle
Le Chef du Département des brevets

PRIORITY DOCUMENT
SUBMITTED OR TRANSMITTED IN
COMPLIANCE WITH
RULE 17.1(a) OR (b)

Martine PLANCHE

INSTITUT
NATIONAL DE
LA PROPRIÉTÉ
INDUSTRIELLE

SIEGE
26 bis, rue de Saint Petersburg
75800 PARIS Cédex 08
Téléphone : 01 53 04 53 04
Télécopie : 01 42 93 59 30



10-11-12

10-11-12

10-11-12

10-11-12

26 bis, rue de Saint Pétersbourg
75800 Paris Cedex 08
Téléphone : 01 53 04 53 04 Télécopie : 01 42 93 59 30

REQUÊTE EN DÉLIVRANCE

Confirmation d'un dépôt par télécopie ☐

Cet imprimé est à remplir à l'encre noire en lettres capitales

Réserve à l'INPI

DATE DE REMISE DES PIÈCES **15 JUL. 1999**
N° D'ENREGISTREMENT NATIONAL **9909372**
DÉPARTEMENT DE DÉPÔT **L7** **15 JUL. 1999**
DATE DE DÉPÔT

1 NOM ET ADRESSE DU DEMANDEUR OU DU MANDATAIRE
À QUI LA CORRESPONDANCE DOIT ÊTRE ADRESSÉE

CABINET GERMAIN & MAUREAU
BP 6153
69466 LYON CEDEX 06
FRANCE

n° du pouvoir permanent références du correspondant téléphone
MD/MK/B05B3415 04 72 69 84 30

2 DEMANDE Nature du titre de propriété industrielle

☒ brevet d'invention

☐ demande divisionnaire

☐ certificat d'utilité

☐ transformation d'une demande de brevet européen

☐ demande initiale

☐ brevet d'invention

☐ certificat d'utilité n°

date

Établissement du rapport de recherche

☐ différé

☒ immédiat

Le demandeur, personne physique, requiert le paiement échelonné de la redevance

☐ oui

☐ non

Titre de l'invention (200 caractères maximum)

UTILISATION D'UN POLYPEPTIDE POUR DETECTER, PREVENIR OU TRAITER UN ETAT PATHOLOGIQUE ASSOCIE A UNE MALADIE DEGENERATIVE, NEUROLOGIQUE OU AUTOIMMUNE

3 DEMANDEUR (S) n° SIREN

code APE-NAF

Nom et prénoms (souligner le nom patronymique) ou dénomination

BIOMERIEUX STELHYS

Forme juridique

Société en nom collectif

Nationalité (s) Française

Adresse (s) complète (s)

Chemin de l'Orme
69280 MARCY L'ETOILE

Pays

FRANCE

En cas d'insuffisance de place, poursuivre sur papier libre ☐

4 INVENTEUR (S) Les inventeurs sont les demandeurs

☐ oui

☒ non

Si la réponse est non, fournir une désignation séparée

5 RÉDUCTION DU TAUX DES REDEVANCES

☐ requise pour la 1ère fois

☐ requise antérieurement au dépôt : joindre copie de la décision d'admission

6 DÉCLARATION DE PRIORITÉ OU REQUÊTE DU BÉNÉFICE DE LA DATE DE DÉPÔT D'UNE DEMANDE ANTÉRIEURE

pays d'origine

numéro

date de dépôt

nature de la demande

7 DIVISIONS

antérieures à la présente demande n°

date

n°

date

8 SIGNATURE DU DEMANDEUR OU DU MANDATAIRE

(nom et qualité du signataire)

Mireille DIDIER
CPI 971202

SIGNATURE DU PRÉPOSÉ À LA RÉCEPTION

SIGNATURE APRÈS ENREGISTREMENT DE LA DEMANDE À L'INPI

DOCUMENT COMPORTANT DES MODIFICATIONS

PAGE(S) DE LA DESCRIPTION OU DES REVENDECTIONS OU PLANCHE(S) DE DESSIN			R.M.*	DATE DE LA CORRESPONDANCE	TAMPON DATEUR DU CORRECTEUR
Modifiée(s)	Supprimée(s)	Ajoutée(s)			
p. 117				24 Nov 99	28 DEC. 1999 - V D
p. 14, 11, 19				24 Nov 99	28 DEC. 1999 - V D
p. 125, 122				24 Nov 99	28 DEC. 1999 - V D
p. 131, 132				24 Nov 99	28 DEC. 1999 - V D
p. 12/14, 15, 20	p. 85-118			13.03.00	13 JUL. 2000 - V D
p. 115-132			X	13.03.00	13 JUL. 2000 - V D
nouvelle	p. 85-98	Liste requises 70 pages		13.03.00	13 JUL. 2000 - V D

Un changement apporté à la rédaction des revendications d'origine, sauf si celui-ci découle des dispositions de l'article R.612-36 du Code de la Propriété Intellectuelle, est signalé par la mention « R.M. » (revendications modifiées).

La présente invention concerne notamment l'utilisation d'au moins un polypeptide, pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou auto-immune et/ou neurologique.

Selon l'invention, on entend par maladie dégénérative, une maladie dans laquelle un processus de mort cellulaire ou de destruction cellulaire est associé à des troubles physiologiques et/ou cliniques. La maladie d'Alzheimer, la sclérose latérale amyotrophique, la maladie de Parkinson sont classées parmi les maladies neurodégénératives. On entend par maladie auto-immune, une hyperréactivité du système immunitaire vis à vis d'un ou de plusieurs auto-antigène(s). La sclérose en plaques (SEP), la polyarthrite rhumatoïde (PR) et le lupus érythémateux sont classés dans les maladies auto-immunes.

La sclérose en plaques est une maladie chronique du système nerveux central de l'homme, évoluant par succession de phases de rémission et de poussée ou selon une progression régulière, dont la caractéristique anatomopathologique consiste en la formation de zones de démyélinisation bien délimitées dans la substance blanche du cerveau et de la moelle épinière.

Au niveau histologique, ces zones présentent au stade précoce du processus lésionnel, une dégradation de la myéline péri-axonale associée à une atteinte des cellules gliales responsable de cette démyélinisation. Une activation macrophagique inflammatoire impliquant les cellules microgliales (macrophages tissulaires résidants du système nerveux central), ainsi que, probablement, des macrophages provenant de monocytes sanguins infiltrés, est associée à ce processus de démyélinisation et contribue à la destruction des feuillets myélinisés. Au centre de la zone démyélinisée, une déplétion relative en cellules gliales est retrouvée alors qu'une prolifération d'astrocytes se développe à la périphérie et peut envahir la plaque démyélinisée pour générer une plaque fibreuse ou gliotique. Ces structures sclérotiques sont à l'origine du nom donné à la maladie.

Une autre caractéristique de ces plaques est leur association quasi systématique avec un élément vasculaire autour duquel elles se développent.

Au niveau histologique, on observe une altération fréquente de la barrière hémato-encéphalique (BHE) constituée par l'endothélium capillaire. Un des éléments
5 déterminants dans le maintien de la BHE est constitué par la présence sous-jacente d'extensions cytoplasmiques des astrocytes, appelées pieds astrocytaires. Vraisemblablement, les pieds astrocytaires induisent la formation ou permettent le maintien de structures de jonction étanches qui assurent la cohésion de la barrière endothéliale capillaire concrétisant la BHE. Or, différents modèles pathologiques font
10 état de l'altération de la BHE et d'une déplétion des pieds astrocytaires.

Par ailleurs, dans le processus lésionnel de la SEP, l'altération de la BHE contribue à amplifier la réponse inflammatoire associée, par l'afflux de cellules lymphoïdes provenant de la circulation sanguine. La contribution de l'inflammation associée aux cellules immunitaires est importante dans la SEP et participe au processus
15 lésionnel.

L'étiologie de la SEP est source d'un débat d'actualité car la maladie pourrait avoir des origines diverses. Des hypothèses ont été émises sur une origine bactérienne et/ou virale. Par ailleurs, comme décrit dans la demande de brevet WO 95/21859, H. Perron et al. ont été conduits à rechercher un ou des agents effecteurs
20 du processus pathogénique aboutissant à la formation typique de plaques de démyélinisation et à une gliose astrocytaire. Dans le cadre de cette étude, ils ont mis en évidence la présence dans le liquide céphalorachidien (LCR) et le sérum de patients SEP d'au moins un facteur qui présente une activité toxique vis à vis des cellules astrocytaires et oligodendrocytaires humaines ou animales. Cette activité toxique se
25 caractérise par une désorganisation cytomorphologique du réseau de filaments intermédiaires et/ou une dégradation des protéines desdits filaments et/ou une mort cellulaires par apoptose des cellules gliales. Ils ont établi une corrélation significative entre la détection *in vitro* de cette activité toxique dans des échantillons de LCR et de sérum de patients SEP et la sclérose en plaques par un dosage colorimétrique quantitatif
30 au bromure de méthyltétrazolium (MTT) des cellules vivantes, comme décrit dans la demande de brevet WO 95/21859. Par ailleurs, C. Malcus-Vocanson *et al.* ont montré

que l'urine est un fluide biologique très favorable pour la détection de l'activité de ce facteur toxique et développé un procédé utilisant la cytométrie de flux pour détecter et/ou quantifier les cellules gliales adhérentes mortes par apoptose. Toutes les informations concernant ce procédé sont décrites dans la demande de brevet
5 WO 98/11439, dont le contenu est incorporé à titre de référence.

Des essais ont été réalisés à partir d'une fraction protéique de LCR et d'urine de patients SEP pour tenter d'identifier ce facteur toxique. Le contenu protéique de chaque fraction a été séparé sur gel SDS-PAGE 12 % et observé après coloration du gel à l'argent. Parmi les protéines observées, une fraction protéique centrée sur un poids
10 moléculaire apparent d'environ 21 kD a été trouvée minoritairement associée à l'activité toxique détectée *in vitro* et une fraction centrée sur un poids moléculaire apparent d'environ 17 kD a été trouvée majoritairement associée à cette activité toxique.

Une injection de la fraction provenant de LCR de patients SEP dans le cerveau de rat Lewis et une observation histologique post-mortem de coupes de cerveau
15 des rats a permis d'observer, trois mois après l'injection, une apoptose de la population astrocytaire et la formation de plaques de démyélinisation. Toutes les informations sont contenues dans la demande de brevet WO 97/33466, dont le contenu est incorporé à titre de référence. Ces observations sont conformes à celles qui ont pu être faites sur des coupes de cerveau de patients atteints de SEP, après biopsie (N. Benjelloun et al. Cell.
20 Mol. Biol., 1998, 44 (4), 579-583).

Les présents inventeurs ont maintenant identifié et analysé les protéines associées à cette activité toxique vis à vis des cellules gliales dans des échantillons biologiques de patients SEP, en particulier dans l'urine, le liquide céphalo-rachidien et le sérum.

25 Après purification des protéines et séparation sur gel SDS-TRICINE, les inventeurs ont mis en évidence la présence de quatre bandes d'intérêt de différents poids moléculaires apparents, respectivement de 8, 14, 18 et 20 kD correspondant à au moins cinq familles de protéines différentes. Les protéines de ces familles ont ensuite été analysées par spectrométrie de masse et/ou séquençage et recherche d'homologie dans
30 les banques de données (NCBI [http :/www.ncbi.nlm.nih.gov](http://www.ncbi.nlm.nih.gov), Basic Blast Search, Protein Blastp, les séquences protéiques sont entrées en format FASTA dans la base de données

nr, l'algorithme utilisé est Matrix BLOSUM62, l'identité dénommée « Identities » correspond au nombre d'acides aminés identiques donné en pourcentage et la positivité « Positives » correspond aux acides aminés présentant une équivalence biologique selon les paramètres sus-mentionnés du logiciel donnés en pourcentage). Ces protéines

5 appartiennent aux familles des protéines du Perlecan, du précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline et de la saposine B. Plus précisément, les protéines sont (i) pour la bande de 20 kD le fragment C-terminal du Perlecan qui commence à l'acide aminé 3464 et se termine à l'acide aminé 3707 (Murdoch AD et al. J Biol Chem, 1992, April 25 ;267

10 (12) :8544-47), et référencé dans l'identificateur de séquences SEQ ID N° 2 (la protéine entière Perlecan étant référencée en SEQ ID N°1), (ii) pour la bande de 20 kD le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol (Monaco HL et al., Science, 1995, 268 (5213) :1039-1041) dont la séquence est donnée en SEQ ID N° 4, (iii) pour la bande de 18 kD le précurseur de l'activateur du ganglioside GM2 (Furst W et al.,

15 Euro J Biochem, 1990, Sep 24 ; 193(3) :709-14) identifié en SEQ ID N° 8, (iv) pour la bande de 14 kD la calgranuline B (Lagasse E et al., Mol Cell Biol, 1988, Jun ;8(6) :2402-10) identifiée en SEQ ID N° 17 et (v) pour la bande de 8 kD la saposine B (Kleinschmidt T et al., Biol Chem Hoppe Seyler, 1988, Dec ;369(12) :1361-5) représentée en SEQ ID N° 24. Ils ont par ailleurs mis également en évidence la présence

20 de séquences variantes auxdites séquences de référence, en particulier pour la bande de 18 kD une séquence variante du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2 référencée SEQ ID N° 9. Ces séquences protéiques variantes sont le produit de mutations au niveau des gènes codant pour lesdites protéines ou sont le résultats de phénomènes d'épissage. Il est à noter par exemple que la calprotectine est un variant de

25 la calgranuline B.

Le fragment C-terminal de la protéine Perlecan (SEQ ID N° 2) est codée par exemple par la séquence nucléotidique ADN SEQ ID N° 69, en tenant compte du code génétique. La protéine précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol

30 (SEQ ID N° 4) est codée par exemple par la séquence nucléotidique ADN SEQ ID N° 70, en tenant compte du code génétique. La protéine activatrice du GM2 (SEQ ID

N° 8) est codée par exemple par la séquence nucléotidique ADN SEQ ID N° 31, en tenant compte du code génétique. Les peptides FSWDNCFEGK DPAVIR et YSLPKSEFAV PDLELP issus du polypeptide muté activateur du GM2 (SEQ ID N°9) sont codés par les séquences nucléotidiques ADN SEQ ID N° 66 et SEQ ID N° 67 respectivement, en
 5 tenant compte du code génétique. La protéine calgranuline B (SEQ ID N° 17) est codée par exemple par la séquence nucléotidique ADN SEQ ID N° 42, en tenant compte du code génétique. La protéine saposine B (SEQ ID N° 24) est codée par exemple par la séquence nucléotidique ADN SEQ ID N° 53, en tenant compte du code génétique.

Par famille de protéines on entend l'ensemble des protéines codées à partir
 10 d'un même gène d'ADN et qui résultent d'un multi-épissage différentiel du gène et/ou d'un cadre de lecture différent. Le gène ADN est transcrit avec des phénomènes d'épissage alternatif ce qui conduit à la traduction de différentes séquences primaires de protéines. Toutes ces protéines appartiennent à une même famille protéique. On inclut également dans le terme « famille protéique », les protéines qui présentent au moins
 15 70% d'identité, de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 % d'identité avec une séquence protéique de référence de la famille.

On entend par multi-épissage, un épissage intervenant au moins une fois dans la région nucléotidique d'intérêt.

Par exemple, par famille de protéine précurseur de la protéine plasmétique
 20 de liaison au rétinol, on désigne la famille de protéines comprenant *au moins* les protéines ou fragment de protéines de séquence SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5, SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, et les protéines codées par le gène correspondant selon différents cadres de lecture.

Par exemple, par famille de protéine activatrice du GM2, on désigne la
 25 famille de protéines comprenant *au moins* les protéines ou fragments de protéines de séquence SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 9, SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ ID N° 15, SEQ ID N° 16, et les protéines codées par le gène correspondant selon différents cadres de lecture, qui résultent d'un multi-épissage différentiel du gène et/ou d'un cadre de lecture différent.

30 Par exemple, par famille de protéine calgranuline B, on désigne la famille de protéines comprenant *au moins* les protéines ou fragments de protéines de séquence

SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N° 20, SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, et les protéines codées par le gène correspondant selon différents cadres de lecture, qui résultent d'un multi-épissage différentiel du gène et/ou d'un cadre de lecture différent. Les protéines MRP14 (SEQ ID N° 17) et MRP8 (SEQ ID N° 18) ont une séquence protéique différente tout en étant codées par un même gène ; elles appartiennent à la même famille protéique.

Par exemple, par famille de protéine saposine B, on désigne la famille de protéines comprenant *au moins* les protéines ou fragments de protéines de séquence SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID N° 28, SEQ ID N° 29, et les protéines codées par le gène correspondant selon différents cadres de lecture, qui résultent d'un multi-épissage différentiel du gène et/ou d'un cadre de lecture différent.

Par famille d'acides nucléiques codant pour une protéine on entend l'ensemble des séquences nucléiques ADNc et/ou ARN transcrits à partir d'un même gène ADN et, qui résultent d'un multi-épissage différentiel. Le gène ADN est transcrit avec des phénomènes d'épissage différentiels et conduit à la synthèse de différents acides nucléiques (ADNc, ARN) de séquences différentes. Toutes ces séquences ADNc et ARNm sont considérées comme appartenant à une même famille d'acides nucléiques.

Par exemple, par famille d'acides nucléiques codant pour la famille de protéine précurseur de la protéine plasmotique de liaison au rétinol, on désigne la famille d'acides nucléiques comprenant *au moins* les acides nucléiques ou fragments de séquence SEQ ID N°30.

Par exemple, par famille d'acides nucléiques codant pour la famille de protéine activatrice du GM2, on désigne la famille d'acides nucléiques comprenant *au moins* les acides nucléiques ou fragments de séquences SEQ ID N° 31, SEQ ID N° 32, SEQ ID N° 33, SEQ ID N° 34, SEQ ID N° 35, SEQ ID N° 36, SEQ ID N° 37, SEQ ID N° 38, SEQ ID N° 39, SEQ ID N° 40, SEQ ID N° 41 qui résultent d'un multi-épissage différentiel du gène et/ou d'un cadre de lecture différent.

Par exemple, par famille d'acides nucléiques codant pour la famille de protéine calgranuline B, on désigne la famille d'acides nucléiques comprenant *au moins* les acides nucléiques ou fragments de séquences SEQ ID N° 42, SEQ ID N° 43, SEQ

ID N° 44, SEQ ID N° 45, SEQ ID N° 46, SEQ ID N° 47, SEQ ID N° 48, SEQ ID N° 49, SEQ ID N° 50, SEQ ID N° 51, SEQ ID N° 52 qui résultent d'un multi-épissage différentiel du gène et/ou d'un cadre de lecture différent.

Par exemple, par famille d'acides nucléiques codant pour la famille de protéine saposine B, on désigne la famille d'acides nucléiques comprenant *au moins* les acides nucléiques ou fragment de séquences SEQ ID N° 53, SEQ ID N° 54, SEQ ID N° 55 qui résultent d'un multi-épissage différentiel du gène et/ou d'un cadre de lecture différent.

Par « épissage » on entend un mécanisme d'excision des introns et de raboutage des exons au cours de la maturation des transcrits et par « épissage différentiel » on entend l'existence de plusieurs schémas d'épissage d'un transcrit primaire aboutissant à la formation de différents ARN messagers et, pouvant donner lieu à la synthèse de plusieurs protéines différentes (Kaplan et Delpech, Biologie Moléculaire et Médecine, 1993, 2^{ème} édition, Médecine et Sciences, Flammarion, pages 73-77). CE phénomène est largement décrit dans la littérature scientifique. A titre d'exemple, on peut citer le modèle des gènes qui codent pour les chaînes lourdes et légères des immunoglobulines, le modèle du gène de la dystrophine, le modèle du gène de l'alpha amylase, le gène de la myéline, etc...

Il est connu que les gènes eucaryotes, notamment, comprennent des régions (exons) qui codent pour des fragments de la protéine codée par ledit gène et d'autres régions (introns) qui n'ont pas d'équivalent protéique. Ceci est dû au fait que les gènes sont d'abord transcrits en un ARN « primaire » qui est ensuite coupé par des enzymes d'épissage au niveau de sites nucléotidiques spécifiques (sites d'épissage). Ces enzymes raboutent ensuite les régions codant pour la protéine, reconstituant ainsi un ARN « secondaire » dont les régions introniques ont été éliminées. Par ailleurs, selon les phénotypes cellulaires (et donc les tissus ou la différenciation) ces enzymes ne sont pas toutes exprimées et, ainsi, un même ARN peut être épissé différemment dans les cellules d'un même individu, générant ainsi des protéines avec des différences de séquence. Cependant, ces phénomènes peuvent aussi s'appliquer à des régions nucléotidiques qui sont entièrement codantes (exons), mais qui, selon différents épissages possibles vont générer plusieurs protéines différentes à partir de la même région nucléotidique, par phénomène d'épissage différentiel entre les différents produits protéiques.

plusieurs codons initiateurs de traduction dans plusieurs phases de lecture et/ou un épissage d'ARN primaire raboutant des séquences nucléotiques présentes dans des phases de lectures différentes sur l'ADN, permet à une même région ADN de générer des produits protéiques sans rapports entre eux, du point de vue de la séquence peptidique.

Enfin, le polymorphisme génétique existant entre les individus d'une même espèce et/ou des mutations individuelles peuvent créer ou supprimer des sites d'épissage dans une région ADN donnée et, ainsi, modifier la séquence et la structure du ou des produits protéiques normalement produits par cette région.

Ainsi, la combinaison de ces différents phénomènes peut permettre qu'une même séquence nucléotidique correspondant à un segment d'ADN, identifiée comme déterminant une région génétique d'intérêt dans une étude donnée, comprenne l'information nécessaire et suffisante pour définir toute une famille d'ARN épissés selon des schémas différentiels et alternatifs, dans des cadres de lecture divers et, par là évidemment, de protéines et de polypeptides ayant des séquences « mosaïques » selon un cadre de lecture voire selon les trois cadres potentiels et des mutations éventuellement liées au polymorphisme génétique.

Un exemple de ce phénomène peut être représenté par la région nucléotidique du gène env du rétrovirus HIV-1. En effet, plusieurs protéines différentes sont codées par des segments de la même séquence : par exemple, la glycoprotéine d'enveloppe, et les protéines régulatrices TAT, REV, NEF, VIF.

Il est encore connu que des protéines peuvent résulter de l'assemblage de sous-unité identiques (homodimères, homomultimères) ou différentes (hétérodimères, hétéromultimères). Ainsi, les différents produits protéiques codés par une même région ADN peuvent aussi s'assembler entre eux pour constituer des entités protéiques complexes multimériques. Ce phénomène s'ajoute aux précédents et, lorsqu'une protéine est identifiée par un fragment peptidique, on peut logiquement identifier tous les autres éléments constitutifs de cette protéine complexe et les segments ADN et ARN épissé qui les codent, ainsi que tous les membres de la famille de produits protéiques et leurs assemblages.

Un autre exemple est fourni par la région d'ADN humain codant pour la famille de protéines MRP14 ou calgranuline B, MRP8, calprotectine, psoriasine etc..

Aussi la présente invention a pour objet l'utilisation *d'au moins* un polypeptide comprenant au moins un fragment d'une protéine pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie
 5 dégénérative et/ou auto-immune, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5, SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ ID N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N° 20, SEQ ID
 10 N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID N° 28 et SEQ ID N° 29 et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité, de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 % d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques précitées, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences
 15 appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B. Dans des modes de réalisation particuliers au moins deux polypeptides précités sont utilisés en combinaison pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique
 20 destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou auto-immune.

L'invention concerne également l'utilisation *d'au moins* un polypeptide comprenant au moins un fragment d'une protéine pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter,
 25 pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou auto-immune, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 17 et SEQ ID N° 24 et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité, de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au
 30 moins 98 % d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques précitées.

Avantageusement les cinq polypeptides qui répondent à la définition précédente sont utilisés en combinaison.

De préférence, la séquence peptidique dudit polypeptide comprend, ou consiste en une séquence choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 17 et SEQ ID N° 24.

L'invention concerne encore l'utilisation *d'au moins* un fragment d'un des polypeptiques précités pour la préparation d'un peptide immunogène, ledit peptide comprenant tout ou partie d'au moins une des séquences référencées SEQ ID N°s 58 à 65 et étant utilisé pour la production d'anticorps monoclonaux.

L'invention a également pour objet, l'utilisation *d'au moins* un fragment nucléotidique, pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou auto-immune, selon laquelle ledit fragment nucléotidique est choisi parmi des fragments qui codent pour au moins un fragment d'une protéine, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5, SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ ID N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N° 20, SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID N° 28 ET SEQ ID N° 29 et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité, de préférence au moins 80 % et avantageusement au moins 98 % d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques ci dessus, et les fragments complémentaires desdits fragments, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B. Il est à la portée de l'homme du métier de déterminer les séquences nucléiques des fragments nucléotidiques à partir des séquences peptidiques et du code génétique, ceci faisant partie de ses connaissances générales.

De préférence, ledit fragment nucléotidique code pour une protéine qui à l'état natif consiste en une séquence choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N°s 1 à 8 et SEQ ID N°s 10 à 29 précitées, et parmi les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le
5 perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B.

Un autre objet de l'invention est l'utilisation d'au moins un fragment nucléotidique pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique
10 ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune selon laquelle ledit fragment est un fragment d'une séquence nucléique choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 30, SEQ ID N° 31, SEQ ID N° 32, SEQ ID N° 33, SEQ ID N° 34, SEQ ID N° 35, SEQ ID N° 36, SEQ ID N° 37, SEQ ID N° 38, SEQ ID
15 N° 39, SEQ ID N° 40, SEQ ID N° 41, SEQ ID N° 42, SEQ ID N° 43, SEQ ID N° 44, SEQ ID N° 45, SEQ ID N° 46 et SEQ ID N° 47, SEQ ID N° 48, SEQ ID N° 49 et SEQ ID N° 50, SEQ ID N° 51, SEQ ID N° 52, SEQ ID N° 53, SEQ ID N° 54, SEQ ID N° 55, SEQ ID N° 56, SEQ ID N° 57, SEQ ID N° 67, SEQ ID N° 68, SEQ ID N° 69, SEQ ID N° 70 et SEQ ID N° 71 et leurs séquences complémentaires.

20

L'invention concerne également l'utilisation d'un ligand spécifique d'un polypeptide ou d'un fragment nucléotidique tel que défini ci dessus pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie
25 dégénérative et/ou auto-immune.

Par ligand, on entend toute molécule susceptible de s'associer au polypeptide, tel que un anticorps monoclonal, un anticorps polyclonal, un récepteur, un substrat d'activité enzymatique, une enzyme dont ledit polypeptide est un co-facteur. La production d'anticorps polyclonaux et monoclonaux fait partie des connaissances
30 générales de l'homme du métier. On peut citer à titre de référence Köhler G. et Milstein C. (1975): Continuous culture of fused cells secreting antibody of predefined

specificity, *Nature* 256 :495-497 et Galfre G. et al. (1977) *Nature*, 266 : 522-550 pour la production d'anticorps monoclonaux et Roda A., Bolelli G.F. : Production of high-titer antibody to bile acids, *Journal of Steroid Biochemistry*, Vol. 13, pp 449-454 (1980) pour la production d'anticorps polyclonaux.

5 Par ligand, on entend également toute molécule susceptible de s'associer à un fragment nucléotidique, tel qu'un fragment nucléotidique partiellement ou totalement complémentaire, un polynucléotide complémentaire, un anticorps anti-acides nucléiques. La production de fragments nucléotidiques ou de polynucléotides fait partie des connaissances générales de l'homme du métier. On peut notamment citer l'utilisation
10 d'enzymes de restriction, et la synthèse chimique sur synthétiseur automatique, par exemple sur des synthétiseurs commercialisés par la société Applied Biosystem. Par ailleurs, on connaît des techniques pour la production d'anticorps anti-acides nucléiques. On peut citer à titre d'exemples Philippe Cros et al., *Nucleic Acides Research*, 1994, Vol. 22, N° 15, 2951-2957 ; Anderson, W.F. et al. (1988) *Bioessays*, 8 (2), 69-74 ; Lee, J.S.
15 et al. (1984) *FEBS Lett.*, 168, 303-306 ; Malfoy, B. et al. (1982) *Biochemistry*, 21(22), 5463-5467 ; Stollar, B.D. et al., J.J. (eds) *Methods in Enzymology*, Academic Press, pp 70-85 ; Traincard, F. et al. (1989) *J. Immunol. Meth.*, 123, 83-91 et Traincard, F. et al. (1989) *Mol. Cell. Probes*, 3, 27-38).

L'invention a encore pour objet un procédé pour détecter au moins une
20 protéine associée à une maladie dégénérative et/ou auto-immune, dans un échantillon biologique dans lequel on met en contact l'échantillon biologique avec au moins un ligand spécifique d'au moins un polypeptide, ledit polypeptide comprenant au moins un fragment d'une protéine et ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N°
25 3, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5, SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ ID N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N° 20, SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID N° 28 et SEQ ID N° 29 et les séquences peptidiques qui
30 présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences

peptidiques SEQ ID N° 1 à SEQ ID N° 8 et SEQ ID N° 10 à 29, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B, puis on détecte la formation d'un complexe entre ledit polypeptide et ledit ligand. Ledit ligand est avantageusement un anticorps monoclonal, un anticorps polyclonal, un récepteur, un substrat d'activité enzymatique ou une enzyme dont ledit polypeptide est un cofacteur.

De même, l'invention concerne un procédé pour détecter au moins un ligand associé à une maladie dégénérative et/ou auto-immune, dans un échantillon biologique, caractérisé en ce que l'on met en contact l'échantillon biologique avec au moins un polypeptide comprenant au moins un fragment d'une protéine, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5, SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ ID N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N° 20, SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID N° 28 et SEQ ID N° 29 et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité, de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 % d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à SEQ ID N° 8 et SEQ ID N°s 10 à SEQ ID N° 29, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B, puis on détecte la formation d'un complexe entre ledit polypeptide et ledit ligand. Le ligand est toute molécule qui répond aux conditions précédemment décrites.

De préférence, dans les procédés décrits ci dessus la séquence du polypeptide comprend ou consiste en une séquence peptidique choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 1 à 8 et SEQ ID N° 10 à 29 précédentes et les séquences

peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B.

5 L'invention concerne également un nouveau polypeptide qui comprend au moins un fragment d'une protéine dont la séquence peptidique correspond à SEQ ID N° 9, ledit fragment présentant au moins une mutation, en particulier au moins deux mutations par rapport à la séquence de référence SEQ ID N° 8. Le polypeptide est avantageusement choisi parmi les polypeptides qui comprennent la séquence en acides aminés FSWDNCFEGKDPVIR, référencée SEQ ID N° 68 et la séquence en acides aminés YSLPKSEFAVPDLELP, référencée SEQ ID N° 69.

En particulier, ledit polypeptide comprend ou consiste en SEQ ID N° 9. Ce polypeptide est utilisé pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou auto-immune, seul ou en mélange avec au moins un polypeptide tel que défini précédemment.

L'un des objet de l'invention est également un fragment nucléotidique qui code pour le fragment de la protéine dont la séquence peptidique correspond à SEQ ID N° 9, ledit fragment de ladite protéine présentant au moins une mutation, en particulier deux mutations par rapport à la séquence de référence SEQ ID N° 8. Ledit fragment nucléotidique, en particulier, comprend ou consiste en un fragment qui code pour SEQ ID N° 9. Ce fragment est utilisé pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou auto-immune, seul ou en mélange avec au moins un fragment nucléotidique tel que défini précédemment.

L'invention a aussi pour objet un procédé pour détecter au moins un ligand associé à une maladie dégénérative et/ou auto-immune, dans un échantillon biologique, selon lequel on met en contact l'échantillon biologique avec au moins le polypeptide qui comprend ou consiste en SEQ ID N° 9 ou un mélange de polypeptides comprenant ce polypeptide et au moins un polypeptide tel que décrit ci dessus, puis on détecte la formation d'un complexe ou de complexes entre le ou les polypeptides et le ou les

ligands correspondants ; étant entendu que par ligand on entend une molécule qui répond aux conditions précitées.

L'invention concerne également un procédé pour détecter au moins le polypeptide référence SEQ ID N° 9 ou un fragment dudit polypeptide, ce fragment
5 comprenant au moins une et de préférence deux mutations par rapport à la séquence de référence SEQ ID N°8, dans un échantillon biologique selon lequel on met en contact l'échantillon biologique avec au moins un ligand spécifique dudit polypeptide, puis on détecte la formation d'un complexe entre ledit polypeptide et ledit ligand. La définition de ligand correspond à celle définie précédemment. Il peut s'agir entre autres d'un
10 anticorps monoclona l , d'un anticorps polyclonal, d'un substrat d'activité enzymatique, ou d'une enzyme dont ledit polypeptide est un cofacteur, d'un récepteur.

On peut également mettre en contact l'échantillon biologique avec un ligand spécifique du polypeptide référence SEQ ID N°9 et au moins un ligand spécifique d'au moins un autre polypeptide tel que défini précédemment, puis on détecte la
15 formation de complexes entre lesdits polypeptides et lesdits ligands spécifiques desdits polypeptides ; étant entendu que par ligand on entend une molécule qui répond aux conditions décrites précédemment.

Un autre objet de l'invention est un fragment nucléotidique codant pour tout ou partie du polypeptide SEQ ID N° 9, et son utilisation pour obtenir une
20 composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou auto-immune, éventuellement en association avec au moins un fragment nucléotidique tel que défini précédemment, et les fragments complémentaires desdits fragments.

25 Par fragment polypeptidique, on entend au moins tout ou partie de la séquence peptidique d'une protéine, en particulier un fragment polypeptique qui comprend environ entre 5 et 15 acides aminés et plus précisément environ entre 5 et 10 acides aminés et 6 et 15 acides aminés. Et par fragment nucléotidique, on entend au moins tout ou partie d'une séquence nucléotidique, étant entendu que par séquence
30 nucléotidique, sont couvertes les séquences ADN et ARN.

En particulier, par fragment polypeptidique ou nucléotidique, on entend soit des fragments associés à une même unité moléculaire, soit des fragments dans un complexe moléculaire comprenant plusieurs sous-unités homologues ou hétérologues obtenues de manière naturelle ou artificielle, notamment par multi-épissage différentiel ou par synthèse sélective.

L'invention concerne aussi un procédé pour détecter au moins un polypeptide tel que défini précédemment, selon lequel on prélève un échantillon d'un fluide biologique d'un patient présentant un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune et éventuellement après purification dudit échantillon de fluide biologique, on analyse par spectrométrie de masse le profil de masse obtenu à partir du fluide biologique et on compare à un profil de masse de référence.

La présente invention concerne également l'utilisation *d'au moins* un polypeptide de l'invention pour définir des agents efficaces thérapeutiquement, et l'utilisation de ces agents pour prévenir et/ou traiter une maladie auto-immune et/ou neurologique et/ou dégénérative, en particulier la sclérose en plaques.

Ainsi, d'autres objets de l'invention sont les suivants :

- Utilisation d'au moins un polypeptide comprenant au moins un fragment d'une protéine pour tester l'efficacité d'un agent thérapeutique, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5, SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 9, SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ ID N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N° 20, SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID N° 28 et SEQ ID N° 29, les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisie parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au

rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B ;

- Utilisation d'au moins un polypeptide comprenant au moins un fragment d'une protéine pour définir un matériel biologique pour la préparation d'une composition pharmaceutique destinée au traitement d'une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, telle que la sclérose en plaques, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5, SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 9, SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ ID N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N° 20, SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID N° 28 et SEQ ID N° 29, les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisie parmi le perlacan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline et de la saposine ;

Selon une variante avantageuse de l'une des utilisations précédentes, le polypeptide est choisi parmi SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24 ;

- Utilisation d'au moins un fragment nucléotidique, pour tester l'efficacité d'un agent thérapeutique pour un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, selon laquelle ledit fragment nucléotidique est choisi parmi les fragments qui codent pour au moins un fragment d'une protéine, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5, SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 9, SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ ID N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N° 20, SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID N° 27,

SEQ ID N° 28 et SEQ ID N° 29, les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité, de préférence au moins 80 % et avantageusement au moins 98 % d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, et les fragments complémentaires desdits fragments et les fragments qui codent pour les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisie parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B.

- Utilisation pour tester l'efficacité d'un agent thérapeutique pour un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, de protéines recombinantes et/ou codées par tout ou partie des fragments nucléotidiques définis au paragraphe précédent ;

- Utilisation d'au moins un fragment nucléotidique pour la préparation d'une composition pharmaceutique destinée au traitement d'une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, telle que la sclérose en plaques, selon laquelle ledit fragment nucléotidique est choisi parmi des fragments qui codent pour au moins un fragment d'une protéine, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5, SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 9, SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ ID N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N° 20, SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID N° 28 et SEQ ID N° 29, les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité, de préférence au moins 80 % et avantageusement au moins 98 % d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, et les fragments complémentaires desdits fragments et les fragments qui codent pour les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisie parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B ;

- Utilisation pour la préparation d'une composition pharmaceutique destinée au traitement d'une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, telle que la sclérose en plaques, de protéines recombinantes et/ou codées par tout ou partie des fragments nucléotidiques définis au paragraphe précédent ;

5 Avantageusement, ledit fragment nucléotidique utilisé code pour ladite protéine ;

De préférence, la séquence peptidique de ladite protéine à l'état natif consiste en une séquence choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 1 à 29, les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins
10 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B. Les
15 polypeptides sont préférentiellement choisis parmi SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24.

- Utilisation d'au moins un fragment nucléotidique, pour tester l'efficacité d'un agent thérapeutique pour un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune selon laquelle ledit fragment est un fragment d'une séquence nucléique choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 30, SEQ ID
20 N° 31, SEQ ID N° 32, SEQ ID N° 33, SEQ ID N° 34, SEQ ID N° 35, SEQ ID N° 36, SEQ ID N° 37, SEQ ID N° 38, SEQ ID N° 39, SEQ ID N° 40, SEQ ID N° 41, SEQ ID N° 42, SEQ ID N° 43, SEQ ID N° 44, SEQ ID N° 45, SEQ ID N° 46 et SEQ ID N° 47, SEQ ID N° 48, SEQ ID N° 49 et SEQ ID N° 50, SEQ ID N° 51, SEQ ID N° 52, SEQ ID N° 53, SEQ ID N° 54, SEQ ID N° 55, SEQ ID N° 56, SEQ ID N° 57, SEQ ID N°
25 66, SEQ ID N° 67, SEQ ID N° 68, SEQ ID N° 69, SEQ ID N° 70, SEQ ID N° 71, et leurs séquences complémentaires.

- Utilisation d'au moins un fragment nucléotidique
pour la préparation d'une composition pharmaceutique destinée au traitement d'une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, telle que la sclérose
30 en plaques selon laquelle ledit fragment est un fragment d'une séquence nucléique choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 30, SEQ ID N° 31, SEQ ID N° 32, SEQ

ID N° 33, SEQ ID N° 34, SEQ ID N° 35, SEQ ID N° 36, SEQ ID N° 37, SEQ ID N° 38, SEQ ID N° 39, SEQ ID N° 40, SEQ ID N° 41, SEQ ID N° 42, SEQ ID N° 43, SEQ ID N° 44, SEQ ID N° 45, SEQ ID N° 46 et SEQ ID N° 47, SEQ ID N° 48, SEQ ID N° 49 et SEQ ID N° 50, SEQ ID N° 51, SEQ ID N° 52, SEQ ID N° 53, SEQ ID N° 54, SEQ ID N° 55, SEQ ID N° 56, SEQ ID N° 57, SEQ ID N° 66, SEQ ID N° 67, SEQ ID N° 68, SEQ ID N° 69, SEQ ID N° 70, SEQ ID N° 71, et leurs séquences complémentaires.

La séquence nucléique est de préférence choisie parmi SEQ ID N° 30, 31, 42, 53.

10 - Utilisation de la lycorine pour la préparation d'une composition pour la prévention et/ou le traitement de maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune.

Par efficacité thérapeutique, on entend le bénéfice clinique et biologique acquis après administration d'un agent thérapeutique en vue d'une amélioration, voire d'une guérison de la maladie. Ce bénéfice se traduit entre autre par une diminution des signes cliniques, biologiques, et des effets pathologiques de la maladie après une analyse clinique par le médecin et/ou des analyses biologiques, telles que imagerie par résonance magnétique, analyse des bandes oligoclonales dans le liquide céphalorachidien, analyse de potentiels évoqués et le test de détection de gliotoxicité appelé bio-essai, dont le principe est décrit dans la demande de brevet WO 98/11439 précédemment citée. Cette diminution des signes cliniques et effets pathologiques doit entraîner un bénéfice pour le patient (Schwartz et Lazar, 1995, Elements de statistique médicale et biologique, eds Flammarion ; Lazar et Schwartz, 1995, Eléments de statistique médicale et biologique, eds Flammarion). La maladie étudiée de préférence est la sclérose en plaques.

On entend par composition à usage prophylactique et/ou thérapeutique, toute composition qui comprend un agent thérapeutiquement efficace. Ces agents thérapeutiques sont capables (i) d'influencer de manière qualitative et/ou quantitative l'activité biologique et/ou la fonction des protéines d'intérêt identifiées dans la présente invention, de préférence l'activité gliotoxique et/ou (ii) de moduler et/ou d'inhiber l'expression de ces protéines et/ou (iii) de diminuer la concentration de ces protéines

dans un compartiment extracellulaire et/ou intracellulaire, et/ou de substituer une forme non pathogène à une forme pathogène, par exemple mutée, d'une de ces protéines et/ou de moduler leur fixation à au moins un de leur ligand ; ledit ligand étant une molécule qui répond aux critères précédemment décrits. Différents agents thérapeutiques sont produits en suivant les approches classiques largement décrites dans la littérature. Les différents groupes d'agents thérapeutiques définis à partir des protéines d'intérêt identifiées dans cette présente invention sont décrits ci-dessous. Leur activité ou efficacité prophylactique et/ou thérapeutique est évaluée *in vitro* et/ou *in vivo*.

Evaluation de l'efficacité d'un agent thérapeutique *in vitro* : des échantillons d'urine d'individus sains et de patients atteints de la sclérose en plaque, de préférence en phase active, sont testés pour leur activité gliotoxique *in vitro* en suivant le protocole du bio-essai décrit dans la demande de brevet WO 98/11439, précédemment citée. L'expérience est réalisée en parallèle en ajoutant ou non dans les échantillons d'urine testés l'agent thérapeutique dont l'efficacité est à tester. Des essais sont réalisés à différentes concentrations de cet agent, et après différents temps d'incubation avec l'échantillon, à une température d'environ 37°C ou à température ambiante, pour chaque concentration d'agent testé, avant la réalisation du test bio-essai. L'activité gliotoxique est déterminée pour chaque échantillon brut ou purifié d'urine témoin et de patient en présence ou en absence de l'agent thérapeutique testé. Un agent prophylactique et/ou thérapeutique pour la sclérose en plaques est un agent qui permet une diminution ou une inhibition de l'activité gliotoxique dans un fluide biologique des patients, en particulier dans l'urine. Cette diminution ou inhibition est évaluée par rapport à l'activité gliotoxique détectée dans le fluide biologique des patients SEP en absence de l'agent testé qui fixe la borne supérieure et par rapport à l'activité gliotoxique détectée dans l'urine d'individu sain qui détermine la borne inférieure (Schwartz et Lazar, 1995, Elements de statistique médicale et biologique, eds Flammarion ; Lazar et Schwartz, 1995, Elements de statistique médicale et biologique, eds Flammarion). L'efficacité thérapeutique de plusieurs agents peuvent être évaluée en combinaison dans un même essai.

Evaluation de l'efficacité d'un agent thérapeutique utilisant un modèle animal : à un animal sont injectées des fractions d'urine purifiée et/ou au moins un

polypeptide de l'invention et/ou au moins une protéine obtenue par recombinaison
 génétique qui correspond à au moins un polypeptide de l'invention et/ou au moins un
 polypeptide de synthèse dont la séquence en acides aminés correspond à la séquence
 d'au moins un polypeptide de l'invention. Les injections sont effectuées, à différentes
 5 concentrations établies, à des animaux mammifères, tels que souris ou rat, de préférence
 un rat Lewis selon le protocole décrit dans la demande de brevet WO97/33466 citée
 précédemment. A des séries d'animaux sont injectées, par voie intradermique,
 intraveineuse, intrathécale, intracérébrale, intramusculaire, ou autres, différentes
 concentrations d'une fraction d'urine brute ou purifiée ou d'au moins un polypeptide
 10 et/ou une protéine, tels que définis ci-dessus. Un contrôle négatif est effectué en
 parallèle. L'agent prophylactique et/ou thérapeutique à évaluer et ensuite injecté à
 différentes concentrations et par différentes voies d'administration à un animal
 mammifère, de préférence à une souris ou à un rat. Les injections sont réalisées en une
 seule dose ou en doses répétées, avec différents temps d'intervalle entre chaque
 15 administration. Quelques heures à quelques semaines après l'administration, des
 échantillons biologiques, de préférence du sang, du sérum, du liquide céphalo-rachidien,
 de l'urine sont prélevés. Sur ces échantillons sont réalisés :
 (i) une mesure de l'activité gliotoxique par le bio-essai, et/ou
 (ii) une mesure d'activité des polypeptides et/ou protéines d'intérêt de l'invention, seuls
 20 ou en combinaison comme décrit au moins dans : Li et al., 1983, Am J Hum Genet
 35 :629-634 ; Li et al., 1988 J Biol Chem 263 : 6588-6591 ; Li et al., 1981 J Biol Chem
 256 : 6234-6240 ; Li et al., 1976 J Biol Chem 251 :1159 ; Kase et al., 1996, FebsLetters
 393 : 74-76 ; Kishimoto et al., 1992, J Lipid Res 33 : 1255-1267 ; O'Brien et al., 1991
 Faseb J 5 : 301-308 ; Murthy et al., 1993 J Immunol 151 : 6291-6301 ; Murao et al.,
 25 1990 Cell growth Differ 1 : 447-454, et/ou
 (iii) un dosage des polypeptides et/ou protéines d'intérêt, seuls ou en combinaison, par
 ELISA (Enzyme Linked-Immunosorbant Assay) et/ou Western Blot, en utilisant des
 anticorps ou des fragments d'anticorps capables de se fixer à au moins un des
 polypeptides et/ou protéines de l'invention, ou leur fragment, et/ou

iv) un dosage d'anticorps spécifiques des polypeptides et/ou protéines d'intérêt ou leurs fragments, seuls ou en combinaison ou le dosage d'au moins un ligand capable de se fixer aux polypeptides et/ou protéines d'intérêt ou leurs fragments, et/ou

(v) un dosage de la réponse immune cellulaire « helper » et/ou cytotoxique induite
 5 contre les polypeptides et protéines d'intérêt ou leurs fragments et tout peptide immunogène dérivant de ces polypeptides, protéines et fragments, en réalisant, par exemple, un test d'activation *in vitro* de cellules lymphocytes T « helper » spécifiques de l'antigène administré ; en quantifiant les lymphocytes T cytotoxiques selon la technique dite ELISPOT décrite par Scheibenbogen et al., 1997 Clinical Cancer Research 3 : 221-
 10 226. Une telle détermination est particulièrement avantageuse lorsque l'on veut évaluer l'efficacité d'une approche vaccinale pour la mise en œuvre chez un patient donné ou pour diagnostiquer et/ou pronostiquer un état pathologique potentiel en cherchant à mettre en évidence une réponse immune naturellement développée par le patient contre l'antigène, les polypeptides, les protéines d'intérêt ou les fragments immunogènes
 15 dérivés de ces protéines.

Par 'Ligand capable de se fixer à une protéine', on entend désigner toute molécule capable de reconnaître la protéine ou une partie de la protéine. Cela peut être vérifié par exemple *in vitro* par tests Elisa et/ou Western blot ().

On désigne par 'polypeptides et/ou protéines d'intérêt de l'invention' le fragment
 20 C-terminal du perlecan (SEQ ID N°2), le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol (SEQ ID N°4), la protéine activateur du GM2 (SEQ ID N° 8), la protéine mutée de l'activateur du GM2 (SEQ ID N° 9), la calgranuline B (SEQ ID N° 17), la saposine B (SEQ ID N° 24), les protéines ou fragments appartenant à la famille du précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol (par exemple SEQ ID N° 5
 25 à 7), les protéines ou fragments appartenant à la famille de la protéine activateur du GM2 (par exemple SEQ ID N° 10 à 16), les protéines ou fragments appartenant à la famille de la protéine calgranuline B (par exemple SEQ ID N° 18 à 23), les protéines ou fragments appartenant à la famille de la protéine saposine B (par exemple SEQ ID N° 25 à 29) et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence
 30 au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29.

L'animal est ensuite sacrifié et des coupes histologiques de différents tissus sont réalisées, de préférence des coupes de cerveaux. Différentes études et observations sont réalisées pour détecter et/ou quantifier les effets caractéristiques des polypeptides et/ou protéines actives associées à la fraction gliotoxique, c'est à dire une apoptose des
 5 cellules gliales, et/ou l'ouverture de la barrière hémato-encéphalique, et/ou une démyélinisation. La présence ou l'expression des polypeptides et/ou protéines d'intérêt identifiées est également observée et/ou quantifiée dans ces tissus :

- (i) par des analyses d'immunohistologie classiques en utilisant des ligands des polypeptides et/ou protéines d'intérêt et/ou leurs fragments et/ou des anticorps
 10 monoclonaux ou polyclonaux ou des fragments desdits qui se lient aux polypeptides et/ou protéines d'intérêt, ou à leurs fragments, et/ou
- (ii) par des techniques d'hybridation *in situ* classiques en utilisant des fragments d'acides nucléiques ou des oligonucléotides définis à partir des séquences polypeptidiques et/ou protéiques d'intérêt ; et/ou
- 15 (iii) par des techniques d'amplification par PCR et/ou RT-PCR *in situ* en utilisant des fragments d'acides nucléiques ou des amorces définis à partir des séquences polypeptidiques et/ou protéiques d'intérêt.

Par anticorps capable de se fixer à un polypeptide, à une protéine ou à leurs fragments, on entend tout anticorps monoclonal ou polyclonal et tout fragment desdits
 20 anticorps capable de reconnaître le polypeptide, la protéine ou leurs fragments. La capacité des anticorps à reconnaître lesdits polypeptides, protéines ou leurs fragments est vérifiée *in vitro*, par exemple en ELISA et/ou Western Blot. Un anticorps capable de se fixer à la protéine saposine B (SEQ ID N° 24) ou à tout fragment de cette protéine est décrit par Misasi et al. 1998, J. NeuroChem. 71 : 2313 et Klein et al. 1994, BBRC
 25 200 : 1440-1448 ou peut être produit en utilisant les méthodes conventionnelles, par exemple celles référencées précédemment pour la production d'anticorps monoclonaux et polyclonaux, par immunisation à partir de la protéine naturelle, d'une protéine recombinante, d'un polypeptide de synthèse ou de leurs fragments. Les peptides immunogènes pour la production d'anticorps monoclonaux anti-saposine B sont les
 30 peptides correspondant aux séquences SEQ ID N° 61 et SEQ ID N° 62.

Par exemple, un anticorps capable de se fixer à la protéine activatrice du GM2 (SEQ ID N° 8) ou à tout fragment de cette protéine est illustré par Yuziuk *et al.*, 1998 J Biol Chem 273 : 66-72 ou peut être produit en utilisant les méthodes conventionnelles connues de l'homme de l'art. Cet anticorps peut être par exemple
 5 produit après injection à des souris ou lapin de la protéine naturelle ou tout fragment, et/ou de la protéine recombinante ou tout fragment, et/ou de peptides définis et synthétisés à partir de la séquence protéique de la protéine. Les peptides immunogènes utilisés pour la production d'anticorps monoclonaux anti-GM2 sont les peptides références SEQ ID N° 58, SEQ ID N° 59 et SEQ ID N° 60. Un anticorps capable de se
 10 fixer à la protéine Galgranuline B (SEQ ID N° 17) ou à tout fragment de cette protéine est décrit par Saintigny *et al.*, 1992 J Invest Dermatol 99 : 639-644 et Goebeler et al 1994 J Leukoc Biol 55 : 259-261, ou peut être produit en utilisant les méthodes conventionnelles. Les peptides immunogènes pour la production d'anticorps monoclonaux anti-calgranuline B sont les peptides correspondant aux séquences SEQ
 15 ID N° 63, SEQ ID N° 64 et SEQ ID N° 65. Un anticorps capable de se fixer à la protéine mutée activatrice du GM2 (SEQ ID N°9) ou à tout fragment de cette protéine peut être produit en utilisant les méthodes conventionnelles définies ci dessus.

Par protéine naturelle et fragment, on entend toute protéine isolée, purifiée totalement ou partiellement obtenue à partir d'échantillon humain ou animal et tout
 20 fragment obtenu à partir de cette protéine. Par exemple, on obtient la protéine naturelle correspondant à la saposine B (SEQ ID N° 24) en suivant la technique décrite par Waring et al. 1998 Mol Genet Metab 63 : 14-25 ; la protéine naturelle correspondant à la protéine activatrice du GM2 (SEQ ID N° 8) en suivant la technique décrite par DeGasperi et al., 1989 Biochem J 260 : 777-783, Vogel et al., 1987 Arch Biochem
 25 Biophys 259 : 627-638, Mitsuyama, 1983 Hokkaido Igaku Zasshi 58 : 502-512 ; Hirabayashi et al 1983 J Neurochem 40 : 168-175, Conzelmann et al, 1979 Hoppe Seylers Z Physiol Chem 360 : 1837-1849, Li et al., 1976 J Biol Chem 251 : 1159-1163. La protéine naturelle correspondant à la calgranuline B (SEQ ID N° 17) est obtenue en suivant la technique décrite par Hitomi et al. 1996 J Cell Sci 109 : 805-815, Van den
 30 Bos et al. 1998 Protein Expr Purif 13 : 313-318 et Raftery et al. 1996 Biochem J 316 : 285-293.

Par protéine recombinante ou fragment d'une protéine recombinante, on fait référence à toute protéine ou fragment de protéine produit dans une cellule procaryote ou eucaryote à partir d'une séquence nucléotidique codant pour la protéine ou son fragment et transfectée dans la cellule, cette protéine ou son fragment étant
 5 ensuite purifiée. D'une manière générale, toute cellule issue d'un organisme procaryote ou eucaryote peut être utilisée dans le cadre de la présente invention, mais les cellules issues d'organismes eucaryotes sont préférées. On peut citer à titre d'exemple les cellules CHO, les cellules COS, les cellules Semliki. Aux fins de la présente invention, ladite cellule peut être sauvage ou mutante. Par exemple, la protéine recombinante
 10 correspondant à la saposine B (SEQ ID N° 24) peut être obtenue en suivant les techniques décrites par Zaltash et al. 1998 *Bebbs letter* 423 : 1-4 et Qi et al. 1994 *J Biol Chem* 269 : 16746-16753. Une telle protéine recombinante est au moins disponible auprès de Kase et al. 1996 *Febs Lett* 393 : 74-76. La protéine recombinante correspondant à la protéine activatrice du GM2 (SEQ ID N° 8) peut être produite par
 15 les techniques décrites par Yuziuk et al. 1998 *J Biol Chem* 273 : 66-72 et Bierfreund et al., 1999 *Neurochem Res* 24 : 295-300. La protéine recombinante correspondant à la calgranuline B (SEQ ID N° 17) peut être obtenue selon le protocole de Longbottom et al. 1992 *Biochim Biophys Acta* 1120 : 215-222, Raftery et al. 1999 *Protein Expr Purif* 15 : 228-235. Une telle protéine recombinante est disponible au moins auprès de
 20 Klempt et al. 1997 *Febs Letter* 408 : 81-84.

Par séquence nucléotidique d'ADN ou fragment nucléotidique d'ADN codant pour tout ou partie de la protéine saposine B (SEQ ID N° 24), on entend la séquence d'acides nucléiques SEQ ID N° 53 ou un fragment de cette séquence. Par séquence ou fragment nucléotidique ARN codant pour tout ou partie de la protéine
 25 saposine B (SEQ ID N° 24), on entend toute séquence déduite de la séquence d'ADN SEQ ID N° 53, en tenant compte du code génétique et des phénomènes d'épissage.

Par séquence nucléotidique d'ADN ou fragment nucléotidique d'ADN codant pour tout ou partie de la protéine activatrice du GM2 (SEQ ID N° 8), on entend la séquence d'acides nucléiques SEQ ID N° 31 ou un fragment de cette séquence. Par
 30 séquence ou fragment nucléotidique d'ARN codant pour tout ou partie de la protéine activatrice du GM2 (SEQ ID N° 8), on entend toute séquence déduite de la séquence

ADN SEQ ID N° 31, en tenant compte du code génétique et des phénomènes d'épissage.

Par séquence nucléotidique d'ADN ou fragment nucléotidique d'ADN codant pour tout ou partie de la protéine calgranuline B (SEQ ID N° 17), on entend la
 5 séquence d'acides nucléiques SEQ ID N° 42 ou un fragment de cette séquence. Par séquence ou fragment nucléotidique d'ARN codant pour tout ou partie de la protéine calgranuline B (SEQ ID N° 17), on entend toute séquence déduite de la séquence ADN SEQ ID N° 42, en tenant compte du code génétique et de phénomènes d'épissage.

Par séquence ou fragment nucléotidique codant pour tout ou partie de la
 10 protéine mutée (SEQ ID N° 9), on entend la séquence d'acides nucléiques déduite de la séquence SEQ ID N° 9, en tenant compte du code génétique. Par séquence ou fragment nucléotidique ARN codant pour tout ou partie de cette protéine mutée B (SEQ ID N° 9), on entend toute séquence déduite de la séquence ADN, en tenant compte du code génétique et de phénomènes d'épissage.

15 Par activité protéique, on entend une fonction caractéristique biologique de la protéine.

Cette activité protéique peut être mise en évidence par des techniques connues de l'homme de l'art. Par exemple, l'activité de la saposine B (SEQ ID N° 24) et des protéines de la famille de la saposine B (par exemple SEQ ID N° 25 à 29), peut être
 20 détectée par la mise en œuvre des protocoles décrits par Li et al., 1983, Am J Hum Genet 35 :629-634,; Li et al., 1988 J Biol Chem 263 : 6588-6591, Li et al., 1981 J Biol Chem 256 : 6234-6240 et Li et al., 1976 J Biol Chem 251 :1159. Par activité de la protéine activatrice du GM2 (SEQ ID N° 8) et des protéines de la même famille (par exemple SEQ ID N° 10 à 16), on entend au moins l'activité détectée par la mise en
 25 œuvre des protocoles décrits par exemple par Kase et al., 1996, Febs Letters 393 : 74-76, Kishimoto et al., 1992, J Lipid Res 33 : 1255-1267 et O'Brien et al., 1991 Faseb J 5 : 301-308. Par activité de la calgranuline B (SEQ ID N° 17) et les protéines de la même famille de la calgranuline b (par exemple SEQ ID N° 18 à 23) et toute, on entend au moins l'activité détectée par la mise en œuvre des protocoles décrits par exemple par
 30 Murthy et al., 1993 J Immunol 151 : 6291-6301 et Murao et al., 1990 Cell growth Differ 1 : 447-454.

L'obtention d'un modèle animal transgénique, de préférence murin, pour une pathologie humaine est techniquement réalisable. Brièvement, l'animal transgénique est produit en utilisant les techniques conventionnelles décrites et possède intégré dans son génome les acides nucléiques codant pour les protéines ou leurs fragments.

5 Evaluation de l'efficacité d'un agent thérapeutique et suivi thérapeutique *ex vivo*, chez l'homme : les agents thérapeutiques à tester pour une activité thérapeutique et/ou pour un suivi thérapeutique sont administrés par différentes voies à l'homme, telles que les voies intradermique, intraveineuse, intramusculaire, intracérébrale, orale, ou autres. Différentes doses sont administrées à l'être humain. Le dossier clinique du
10 patient au moment de la première administration est parfaitement connu. Une ou plusieurs administrations peuvent être réalisées avec des temps d'intervalle différents entre chaque administration pouvant aller de quelques jours à quelques années. Des échantillons biologiques sont prélevés à des intervalles de temps déterminés après administration de l'agent thérapeutique, de préférence du sang, du sérum, du liquide
15 céphalorachidien et de l'urine. Différentes analyses sont réalisées à partir de ces échantillons. Juste avant la première administration de l'agent thérapeutique, ces prélèvements et ces mêmes analyses sont également réalisés. Un examen clinique et biologique classique (IRM, bandes oligoclonales dans le liquide céphalorachidien, potentiels évoqués) est réalisé également en parallèle des analyses supplémentaires qui
20 sont être décrites ci dessous, à différentes temps de l'analyse. Les analyses réalisées sont :

- (i) une mesure de l'activité gliotoxique par le bio-essai à partir d'échantillons de sérum, de LCR et d'urine,
et/ou
- 25 (ii) une mesure d'activité des protéines d'intérêt identifiées dans la présente invention seules ou en combinaison comme décrit par exemple par : Li et al., 1983, Am J Hum Genet 35 :629-634 ; Li et al., 1988 J Biol Chem 263 : 6588-6591 ; Li et al., 1981 J Biol Chem 256 : 6234-6240 ; Li et al., 1976 J Biol Chem 251 :1159 ; Kase et al., 1996, FebsLetters 393 : 74-76 ; Kishimoto et al., 1992, J Lipid Res 33 : 1255-1267 ; O'Brien
30 et al., 1991 Faseb J 5 : 301-308 ; Murthy et al., 1993 J Immunol 151 : 6291-6301 ; Murao et al., 1990 Cell growth Differ 1 : 447-454,

et/ou

(iii) un dosage des protéines d'intérêt ou de leurs fragments, seuls ou en combinaison, dans les échantillons de sang/sérum, LCR, urine par ELISA et/ou Western Blot, en utilisant des anticorps ou des fragments d'anticorps capables de se fixer à au moins une des protéines ou à un de leur fragment.

(iv) un dosage d'anticorps spécifiques des protéines d'intérêt ou de leurs fragments dans des échantillons de sang/sérum, LCR, urine, par ELISA et/ou Western Blot en utilisant une protéine naturelle ou un fragment de la protéine naturelle et/ou une protéine recombinante ou un fragment de cette protéine recombinante, seuls ou en combinaison.

De même un dosage de ligands capables de se fixer aux protéines d'intérêt identifiées, seules ou en combinaison, peut être réalisé.

(v) un dosage de la réponse immune cellulaire « helper » et/ou cytotoxique induite contre les protéines d'intérêt et tout peptide immunogène dérivant de ces protéines, par exemple en réalisant un test d'activation *in vitro* de cellules lymphocytes T spécifiques de l'antigène administré (exemple). Par exemple en réalisant un test d'activation *in vitro* de cellules lymphocytes T helper spécifiques de l'antigène administré (exemple) ; Par exemple en quantifiant les lymphocytes T cytotoxiques selon la technique dite ELISPOT décrite par Scheibenbogen et al., 1997 Clinica Cancer Research 3 : 221-226. Une telle détermination est particulièrement avantageuse lorsque l'on souhaite évaluer l'efficacité d'une approche vaccinale mise en œuvre chez un patient donné ou pour diagnostiquer un état pathologique potentiel chez un patient en cherchant à mettre en évidence une réponse immune naturellement développée par ledit patient contre l'antigène les protéines d'intérêt ou tout fragment immunogène dérivés de ces protéines, seuls ou en combinaison,

et/ou

(vi) une détection de fragments d'ADN et/ou d'ARN codant pour les protéines ou un fragment des protéines d'intérêt par hybridation nucléotidique selon les techniques bien connues de l'homme de l'art (Southern blot, Northern blot, ELOSA « Enzyme-Linked Oligosorbent Assay » (Katz JB et al., Am. J. Vet. Res., 1993 Dec ; 54 (12) :2021-6 et François Mallet et al., Journal of Clinical Microbiology, June 1993, p1444-1449)) et/ou par méthode d'amplification de l'ADN et/ou l'ARN , par exemple par PCR, RT-PCR,

en utilisant des fragments d'acides nucléiques codant pour la séquence des protéines d'intérêt,

et/ou

(vii) par biopsie de tissus, de préférence du cerveau, et l'observation des effets caractéristiques des protéines actives associées à la fraction gliotoxique, c'est à dire une
5 apoptose des cellules gliales et/ou l'ouverture de la barrière hémato-encéphalique et/ou l'observation de phénomènes de démyélinisation,

et/ou

(viii) par biopsie de tissus ou sur cellules circulantes (sang, LCR), l'observation de la
10 présence des protéines d'intérêt et l'estimation de leur expression par observation immunohistologique sur des coupes histologiques réalisées à partir des tissus, en utilisant des ligands et/ou des anticorps ou leurs fragments capables de se fixer aux protéines d'intérêt,

et/ou

(ix) par biopsie de tissus ou sur cellules circulantes (sang, LCR), l'observation de
15 l'expression des protéines d'intérêt par hybridation in situ des molécules d'ARN codant pour les protéines d'intérêt en utilisant des acides nucléiques définis à partir des séquences des protéines d'intérêt,

et/ou

(x) par biopsie de tissus ou sur cellules circulantes (sang, LCR), la détermination de
20 l'expression des protéines d'intérêt par amplification de ces ARN par des techniques classiques, comme par exemple, la RT-PCR, en utilisant des acides nucléiques définis à partir des séquences des protéines d'intérêt.

On désigne par 'polypeptides et/ou protéines d'intérêt de l'invention' le fragment
25 C-terminal du perlecan (SEQ ID N°2), le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol (SEQ ID N°4), la protéine activateur du GM2 (SEQ ID N° 8), la protéine mutée de l'activateur du GM2 (SEQ ID N° 9), la calgranuline B (SEQ ID N° 17), la saposine B (SEQ ID N° 24), les protéines ou fragments appartenant à la famille du précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol (par exemple SEQ ID N° 5
30 à 7), les protéines ou fragments appartenant à la famille de la protéine activateur du GM2 (par exemple SEQ ID N° 10 à 16), les protéines ou fragments appartenant à la

famille de la protéine calgranuline B (par exemple SEQ ID N° 18 à 23), les protéines ou fragments appartenant à la famille de la protéine saposine B (par exemple SEQ ID N° 25 à 29), et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec
 5 l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29.

On désigne par séquence d'acides nucléiques ADN ou fragments codant pour les 'polypeptides et/ou protéines d'intérêt de l'invention' la séquence d'acides nucléiques codant pour le fragment C-terminal du perlecan (SEQ ID N°2), la séquence d'acides nucléiques codant pour le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol
 10 (SEQ ID N°4), la séquence d'acides nucléiques (SEQ ID N° 31) codant pour la protéine activateur du GM2 (SEQ ID N° 8), la séquence d'acides nucléiques codant pour la protéine mutée de l'activateur du GM2 (SEQ ID N° 9), la séquence d'acides nucléique (SEQ ID N° 42) codant pour la calgranuline B (SEQ ID N° 17), la séquence d'acides nucléiques (SEQ ID N°53) codant pour la saposine B (SEQ ID N° 24), les
 15 séquences d'acides nucléiques ADN et/ou ARN (SEQ ID N° 30 à 57) codant pour les protéines ou fragments appartenant à la famille du précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol (par exemple SEQ ID N° 5 à 7), les protéines ou fragments appartenant à la famille de la protéine activateur du GM2 (par exemple SEQ ID N° 10 à 16), les protéines ou fragments appartenant à la famille de la protéine calgranuline B
 20 (par exemple SEQ ID N° 18 à 23), les protéines ou fragments appartenant à la famille de la protéine saposine B (par exemple SEQ ID N° 25 à 29).

Une protéine ou un variant d'une protéine choisie plus particulièrement parmi les séquences définies dans les identificateurs SEQ ID N°s 2, 4, 8 , 9, 17 et 24 ou leurs fragments, ou parmi les séquences correspondant aux protéines des familles de ces
 25 dites séquences (par exemple SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 24, SEQ ID N° 25 à 29), et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, indépendamment ou en combinaison, présente un effet
 30 toxique directement ou indirectement, vis à vis de cellules, en particulier vis à vis des cellules gliales, qui est mis en évidence par le bio-essai précité. Les auto-anticorps

produits en réponse à la présence de cette protéine ou de ces protéines sont associés au processus auto-immun. Ainsi, la cible du ou des agent(s) thérapeutique(s) est par exemple (i) la protéine naturelle ou les protéines naturelles ou leurs variants dans le but de réguler leur expression et/ou leur concentration intracellulaire et/ou leur concentration dans la circulation, (ii) un anticorps spécifique d'au moins une telle protéine. L'agent thérapeutique ou les agents thérapeutiques définis éliminent la cible directement, par induction d'une réponse immune spécifique et/ou la neutralisent.

La présente invention concerne donc un matériel biologique pour la préparation d'une composition pharmaceutique destinée au traitement de mammifères atteints de pathologies dégénérative et/ou autoimmune et/ou neurologique, de préférence la sclérose en plaques, ladite composition comprenant :

(i) soit au moins une protéine naturelle et/ou une protéine recombinante ou leurs fragments dont la séquence correspond à tout ou partie des séquences référencées SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17 et 24 et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisie parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29), et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, indépendamment ou en combinaison,

(ii) soit au moins un ligand spécifique d'au moins une desdites protéines ou leurs fragments dont la séquence correspond à tout ou partie des séquences référencées SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17 et 24, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisie parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29), et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec

l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, indépendamment ou en combinaison,

(iii) soit au moins un anticorps polyclonal ou monoclonal spécifique d'au moins une desdites protéines ou leurs fragments dont la séquence correspond à tout ou
 5 partie des séquences référencées SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17 et 24, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N°
 10 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29), et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, indépendamment ou en combinaison,

(iv) soit au moins une séquence d'acide nucléique comprenant au moins un
 15 gène d'intérêt thérapeutique dont la séquence nucléique est déduite des séquences d'ADN et d'ARN codant pour tout ou partie des protéines dont les séquences sont référencées SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17 et 24, et les séquences d'ADN et/ou ARN (par exemple SEQ ID N° 30 à 57) codant pour tout ou partie des protéines appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine
 20 plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du GM2, de la calgranuline B et de la saposine B, en association avec des éléments assurant l'expression dudit gène d'intérêt thérapeutique *in vivo* dans des cellules cibles destinées à être génétiquement modifiées par la séquence nucléique du gène d'intérêt thérapeutique,

(v) soit au moins une cellule de mammifère ne produisant pas naturellement
 25 la protéine d'intérêt ou les protéines d'intérêt ou tout fragment de cette ou de ces protéine(s) ou des anticorps spécifiques d'au moins une desdites protéines ou de ses fragments ladite cellule mammifère étant génétiquement modifiée *in vitro* par au moins une séquence d'acide nucléique ou un fragment d'une séquence d'acide nucléique ou
 30 une association de séquences d'acides nucléiques correspondant à des fragments d'acides nucléiques issus d'un même gène ou de gènes différents, la ou lesdites

séquences nucléiques étant déduite(s) des séquences d'ADN et ARN codant pour les protéines référencées SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17 et 24, et les séquences d'ADN et/ou ARN (par exemple SEQ ID N° 30 à 57) codant pour tout ou partie des protéines appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du GM2, de la calgranuline B et de la saposine B, ledit gène d'intérêt thérapeutique codant pour tout ou partie de la protéine d'intérêt, d'un fragment de la protéine d'intérêt ou d'un anticorps spécifique de la protéine d'intérêt qui sera exprimé à la surface de ladite cellule de mammifère (Toes et al., 1997, PNAS 94 : 14660-14665). La composition pharmaceutique peut contenir un agent thérapeutique seul dirigé contre une cible seule ou des agents pris en combinaison dirigés contre plusieurs cibles.

On désigne par 'polypeptides et/ou protéines d'intérêt de l'invention' le fragment C-terminal du perlecan (SEQ ID N°2), le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol (SEQ ID N°4), la protéine activateur du GM2 (SEQ ID N° 8), la protéine mutée de l'activateur du GM2 (SEQ ID N° 9), la calgranuline B (SEQ ID N° 17), la saposine B (SEQ ID N° 24), les protéines ou fragments appartenant à la famille du précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol (par exemple SEQ ID N° 5 à 7), les protéines ou fragments appartenant à la famille de la protéine activateur du GM2 (par exemple SEQ ID N° 10 à 16), les protéines ou fragments appartenant à la famille de la protéine calgranuline B (par exemple SEQ ID N° 18 à 23), les protéines ou fragments appartenant à la famille de la protéine saposine B (par exemple SEQ ID N° 25 à 29 et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29.

A partir des connaissances des séquences en acides aminés des protéines d'intérêt identifiées dans la présente invention, il est à la portée de l'homme de l'art de définir et utiliser les molécules décrites ci dessus et/ou toute molécule capable de se fixer au dites molécules, et/ou toute molécule capable d'inhiber lesdites molécules. Ainsi la présente invention concerne l'utilisation de protéines naturelles et/ou recombinantes et/ou de polypeptides de synthèse et leurs fragments, de ligand capables de se fixer au

dites protéines ou à leur(s) fragment(s), par exemple des anticorps ; de protéines inhibitrices de la fonction et/ou de l'expression et/ou de la fixation desdites protéines

Utilisation de protéine(s) et/ou peptide(s) naturel(s) et/ou de protéine(s) recombinante(s) et/ou de polypeptide(s) de synthèse correspondant aux protéines d'intérêt identifiées dans la présente invention.

La présente invention concerne un matériel biologique pour la préparation de compositions pharmaceutiques destinées au traitement de mammifères atteint de maladie auto-immune, de préférence la sclérose en plaques, comprenant

(i) soit au moins une protéine naturelle et/ou une protéine recombinante et/ou un polypeptide de synthèse choisi parmi les protéines dont les séquences en acides aminés sont référencées SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17 et 24, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29), et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, seules ou en combinaison,

(ii) soit au moins un fragment naturel et/ou synthétique de ces protéines d'intérêt, par exemple un fragment immunogène capable d'induire une réponse immune contre un polypeptide cible,

(iii) soit au moins un peptide mimotope défini à partir des séquences de référence SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17 et 24 et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29), et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, ou une

combinaison de mimotopes, capable d'induire une réponse immune contre le polypeptide cible,

(iv) soit au moins toute protéine ou peptide pouvant réguler *in vivo* la transcription et/ou la traduction des protéines d'intérêt (SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17 et 24) et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29) et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29. L'administration de ces protéines et/ou peptides seuls ou en combinaison peut rétablir la concentration d'une protéine d'intérêt dans l'organisme.

La réponse immune dirigée contre un antigène spécifique peut être divisée en deux catégories distinctes, l'une mettant en jeu les anticorps (réponse immune de type humorale), l'autre les cellules effectrices cytotoxiques telles que par exemple les macrophages, les lymphocytes cytotoxiques (CTL) ou les cellules tueuses (NK) ainsi que les lymphocytes T « helper », notamment les lymphocytes T CD4+ (réponse immune de type cellulaire). Plus particulièrement, les deux types de réponse se distinguent en ce que les anticorps reconnaissent les antigènes sous leur forme tridimensionnelle alors que les lymphocytes T, par exemple, reconnaissent des portions peptidiques desdits antigènes, associés à des glycoprotéines codées par les gènes du complexe majeur d'histocompatibilité (CMH), notamment les gènes du complexe majeur d'histocompatibilité de type I qui sont exprimés de façon ubiquitaire à la surface des cellules ou les gènes du complexe majeur d'histocompatibilité de type II qui sont exprimés de façon spécifique à la surface des cellules impliquées dans la présentation des antigènes (APC). 1) Selon un premier aspect, la réponse immune de type cellulaire est caractérisée en ce que les cellules T de type CD4+ (cellules T 'helper'), suite à un phénomène d'activation bien connu (pour une revue voir Alberola-lia 1997, Annu Rev Immunol 15, 125-154) produisent des cytokines qui à leur tour induisent la prolifération

de cellules APC capables de produire lesdites cytokines, la différenciation cellulaire des lymphocytes B capables de produire des anticorps spécifiques de l'antigène, et la stimulation des lymphocytes T cytotoxiques (CTL). 2) Selon un second aspect de la réponse immune cellulaire, les cellules effectrices cytotoxiques telles que par exemple les lymphocytes de type CD8+ (CTL) sont activés a) après interaction avec des peptides antigéniques fixés sur et présentés par les glycoprotéines portées par les cellules ubiquitaires et codées par les gènes appartenant au système CMHI, et b) éventuellement par les cytokines produites par les CD4+.

La présente invention concerne l'administration d'une protéine ou d'un peptide dérivés des protéines d'intérêt (SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17 et 24) ou de leur(s) fragment(s), et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29), et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, seuls ou en combinaison, pour la prophylaxie et/ou la thérapie d'une maladie auto-immune, telle que la sclérose en plaques. Ces protéines et peptides administrés sont caractérisés en ce que ils doivent avoir perdu leur activité toxique, par exemple leur activité gliotoxique, ou avoir perdu leur capacité à se fixer à un ligand, et peuvent induire significativement une réponse immune médiée par les lymphocytes T ou/et les anticorps dirigée contre cette protéine sont utilisés. De telles protéines sont dites 'modifiées', cependant leur immunogénicité est conservée. De telles molécules immunogéniques modifiées sont obtenues par un nombre de traitements conventionnels, par exemple la dénaturation chimique ou à la chaleur, la troncation ou la mutation avec délétion, insertion ou emplacement d'acides aminés. Un exemple de troncation consiste en la troncation d'acides aminés à l'extrémité carboxy-terminale pouvant aller jusqu'à 5-30 acides aminés. Les molécules modifiées peuvent être obtenues par des techniques synthétiques ou/et recombinantes ou par des traitements chimiques ou physiques des molécules naturelles.

Les protéines d'intérêt naturelles et/ou recombinantes identifiées dans la présente invention (SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17 et 25), et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du
5 précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29), et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à
10 29, ou leur(s) fragment(s), sont utilisées en vaccination prophylactique et thérapeutique contre les maladies auto-immunes, de préférence la SEP. Un vaccin comprend une quantité immunogénique effective de la protéine immunogène en association avec un véhicule pharmaceutiquement acceptable et éventuellement un adjuvant et/ou un diluant. Les véhicules, adjuvants et diluants pharmaceutiquement acceptables sont bien connus
15 de l'homme du métier. On peut citer à titre de référence le Remington's Pharmaceutical Sciences. L'utilisation de compositions vaccinales est particulièrement avantageuse en association avec un diagnostic précoce de la maladie. La protéine immunogène est utilisée dans la préparation de médicament pour la vaccination prophylactique ou thérapeutique. Les protéines d'intérêt peuvent être éliminées de l'organisme sans induire
20 d'effets secondaires indésirables. L'identification de telles protéines ou peptides vaccins est réalisée comme suit : les molécules candidates modifiées comme décrit précédemment (protéines naturelles, recombinantes, peptides) sont analysées dans un test fonctionnel pour vérifier qu'elles ont perdues leur toxicité, par exemple leur activité gliotoxique en utilisant le test appelé bio-essai, et pour vérifier leur immunogénicité (i)
25 en réalisant un test *in vitro* de prolifération de lymphocytes T CD4+ spécifiques de l'antigène administré (T cell assay) ou un test *in vitro* de cytotoxicité des lymphocytes CD8+ spécifiques de l'antigène administré et(ii) en mesurant entre autre le taux d'anticorps circulants dirigés contre la protéine naturelle. Ces formes modifiées sont utilisées pour immuniser des hommes par des procédures standard avec des adjuvants
30 appropriés.

Les vaccins préparés sont injectables, c'est-à-dire en solution liquide ou en suspension. En option, la préparation peut aussi être émulsifiée. La molécule antigénique peut être mélangée avec des excipients qui sont pharmaceutiquement acceptables et compatibles avec l'ingrédient actif. Des exemples d'excipients favorables sont l'eau, une solution saline, le dextrose, le glycérol, l'éthanol ou des équivalents et leurs combinaisons. Si désiré, le vaccin peut contenir des quantités mineures de substances auxiliaires comme des agents « wetting » ou émulsifiants, des agents qui tamponnent le pH ou des adjuvants comme l'hydroxide d'aluminium, le dipeptide muramyl ou leurs variations. Dans le cas des peptides, leur couplage à une plus grosse molécule (KLH, toxine tétanique) augmente quelquefois l'immunogénicité. Les vaccins sont administrés conventionnellement par injection par exemple sous cutanée ou intramusculaire. Des formulations additionnelles favorables avec d'autres modes d'administration incluent des suppositoires et quelquefois des formulations orales.

En général la concentration du polynucléotide dans la composition utilisée pour une administration *in vivo* est de 0.1 µg /ml jusqu'à 20 mg /ml. Le polynucléotide peut être homologue ou hétérologue de la cellule cible dans laquelle il va être introduit.

La présente invention concerne également l'utilisation de vaccins incluant des molécules d'acides nucléiques qui codent pour les protéines d'intérêt ou des peptides immunogènes ou leur fragment(s), non actifs, correspondant aux protéines d'intérêt (SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17 et 24) et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29) et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29. Les vaccins d'acides nucléiques, en particulier les vaccins ADN, sont administrés généralement en association avec un véhicule pharmaceutiquement acceptable en injection intramusculaire.

A partir de la séquence en acides aminés des protéines d'intérêt décrites (SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17 et 24) et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29) et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, des peptides ou des fragments correspondant à tout ou partie de la séquence primaire de ces protéines peuvent être synthétisés par des méthodes classiques de synthèse peptidique ou obtenus par recombinaison génétique.

Des protéines recombinantes correspondante aux protéines d'intérêt, produites dans un système cellulaire procaryote ou eucaryote, sont disponibles auprès de différentes équipes et sont décrites dans la littérature. Elles peuvent être également produite par l'homme du métier à partir de la connaissance des séquences des gènes correspondants décrits dans la littérature et en tenant compte de la dégénérescence du code génétique. Toutes les séquences protéiques identifiées dans la présente invention sont ainsi susceptibles d'être obtenues par recombinaison génétique. Les gènes sont clonés dans des vecteurs adaptés. Des vecteurs différents sont utilisés pour transformer des cellules procaryotes (par exemple *E. coli*) et des cellules eucaryotes (par exemple cellules COS, CHO et cellules Simliki). Les protéines recombinantes correspondant aux protéines d'intérêt ou à des fragments des protéines d'intérêt peuvent être ainsi produits dans des systèmes cellulaires procaryotes et/ou encaryotes. Dans les cellules *E. coli*, les protéines recombinantes sont produites avec une queue poly-histidine. La fraction protéique insoluble est solubilisée dans de l'urée 8M. L'enrichissement du produit a été effectué sur résine chélatée au nickel (Qiagen). La colonne a été lavée avec des concentrations décroissantes d'urée. L'élution a été faite avec de l'imidazole en l'absence d'urée. La séquence complète des protéines d'intérêt peut être également clonée dans un plamide adapté puis transférée dans le virus de la vaccine pour obtenir un virus recombinant.

Utilisation de ligands capables de se fixer aux protéines d'intérêt identifiées dans la présente invention.

La présente invention concerne un matériel biologique pour la préparation de compositions pharmaceutiques destinées au traitement de mammifères atteint de maladie auto-immune, de préférence la sclérose en plaques, comprenant

(i) soit au moins un ligand capable de se fixer aux protéines et/ou fragments des protéines choisies parmi les protéines cibles SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 14 et 24 et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29) et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, le ligand étant capable ou non d'inhiber l'activité protéique,

(ii) soit au moins un anticorps polyclonal ou monoclonal capable de se fixer à au moins une protéine ou un de ses fragments choisie parmi les protéines cibles SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 14 et 24 et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29) et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29. Cet anticorps peut être ou non neutralisant, c'est-à-dire capable ou non d'inhiber l'activité de la protéine d'intérêt. Le ligand peut être choisi parmi toute molécule ou fragment molécule capable de se fixer aux protéines cibles, par exemple les récepteurs de ce protéines, les co-facteurs de ces protéines, les anticorps polyclonaux ou monoclonaux capables de se fixer aux protéines ou tout fragment de ces protéines.

Ces anticorps sont très utiles notamment pour permettent la mise en œuvre de compositions thérapeutiques car ils conduisent par exemple, à des réactions immunes, dirigées spécifiquement à l'encontre d'épitopes immunodominants ou contre des antigènes présentant une grande variabilité. On administre chez le patient soit des anticorps solubles neutralisants pour inhiber leur fonction, soit des anticorps solubles spécifiques pour éliminer le peptide par formation de complexes immuns. L'invention décrit l'utilisation d'anticorps capables de reconnaître spécifiquement au moins une protéine décrite dans la présente invention pour le traitement et /ou pour le suivi thérapeutique de maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, de préférence la sclérose en plaques. Ces anticorps sont polyclonaux et de préférence monoclonaux. De préférence ces anticorps reconnaissent le site actif de la protéine et en se fixant, inhibe la fonction de la protéine. La capacité de l'anticorps à se fixer spécifiquement à la protéine est analysé par des techniques conventionnelle décrites, comme par exemple par des tests ELISA ou de Western Blot en utilisant la protéine ou le peptide immunogène naturel ou synthétique. Le titre de l'anticorps est déterminé. La capacité de l'anticorps à neutraliser la fonction de la protéine peut être analysée par différents moyen, par exemple en déterminant la diminution de l'activité de la protéine ou du peptide immunogène en présence de l'anticorps, de préférence en déterminant la diminution de l'activité gliotoxique en utilisant le test bio-essai *in vitro*.

Par exemple, les anticorps monoclonaux dirigés contre la protéine cible ou une partie de cette protéine sont produits par des techniques conventionnelles utilisées pour produire des anticorps contre des antigènes de surface Des souris ou des lapins sont immunisées (i) soit avec la protéine naturelle ou recombinante d'intérêt, (ii) soit avec tout peptide immunogène de cette protéine d'intérêt, (iii) soit avec des cellules murines qui expriment la protéine ou le peptide d'intérêt et les molécules du CMHII. La lignée murine Balb/c est la plus fréquemment utilisée. L'immunogène est également un peptide choisi parmi les peptides définis à partir des séquences primaires des protéines d'intérêt. Par exemple, l'immunogène suivant a été préparé : les peptides SEQ ID N°s 58, 59, 60 issus de la séquence du précurseur du ganglioside GM2, les peptides SEQ ID N°s 61, 62 issus de la séquence de la saposine B et les peptides SEQ ID N°s 63, 64, 65 issus de la calgranuline B ont été couplé à de l'hémocyanine de Lymphet Keyhole, en

abrége peptide-KLH, comme support pour son utilisation en immunisation, ou couplé à de l'albumine de sérique humaine, en abrége peptide-HSA. Les animaux ont été soumis à une injection de peptide -KLH ou de peptide -HSA en utilisant de l'adjuvant complet de Freund (IFA). Les sérums et les surnageants de culture d'hybridome issus des animaux immunisés avec chaque peptide ont été analysés pour la présence d'anticorps anti-protéines par un test ELISA utilisant les protéines initiales. Les cellules spléniques de ces souris ont par conséquent été récupérées et fusionnées avec des cellules de myélome. Le polyéthylèneglycol (PEG) est l'agent de fusion le plus fréquemment utilisé. Les hybridomes produisant les anticorps les plus spécifiques et les plus sensibles sont sélectionnés. Les anticorps monoclonaux peuvent être produits *in vitro* par culture cellulaire des hybridomes produits ou par récupération de liquide d'ascite murin après injection intrapéritonéale des hybridomes chez la souris. Quel que soit le mode de production en surnageant ou en ascite, il importe ensuite de purifier l'anticorps monoclonal. Les méthodes de purification utilisées sont essentiellement la filtration sur gel échangeur d'ions ou par chromatographie d'exclusion, voire l'immunoprécipitation. Pour chaque anticorps il faut choisir la méthode qui permettra d'obtenir le meilleur rendement. Un nombre suffisant d'anticorps anti-protéines sont criblés dans des tests fonctionnels pour identifier les anticorps les plus performants pour fixer la protéine d'intérêt et/ou pour bloquer l'activité de la protéine d'intérêt. Les anticorps monoclonaux sélectionnés sont humanisés par des méthodes standard de « CDR grafting » (protocole réalisé par de nombreuses compagnies, sous forme de service). Ces anticorps humanisés peuvent être testés cliniquement chez le patient. L'efficacité de ces anticorps peut être suivie par des paramètres cliniques.

La production *in vitro* d'anticorps, de fragments d'anticorps ou de dérivés d'anticorps, tels que les anticorps chimères, produits par génie génétique, dans des cellules eucaryotes a été décrite (EP 120 694 ou EP 125 023) et est aussi applicable à la présente invention.

Utilisation de molécules inhibitrices des protéines d'intérêt identifiées dans la présente invention.

La présente invention concerne un matériel biologique pour la préparation de compositions pharmaceutiques destinées au traitement de mammifères atteint de

maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, de préférence la sclérose en plaques, ladite composition comprenant (i) soit au moins une molécule inhibitrice de la fonction d'au moins une protéine choisie parmi les protéines identifiées dans la présente invention (SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24) et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29) et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, par exemple inhibitrice de l'activité gliotoxique, (ii) soit au moins une molécule régulatrice de l'expression d'au moins une protéine choisie parmi les protéines SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24 et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29) et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, par exemple pour bloquer la transcription ou la traduction, (iii) soit au moins une molécule régulatrice du métabolisme d'au moins une protéine choisie parmi les protéines SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24 et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29) et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, (iv) soit au moins une molécule régulatrice de

l'expression et/ou du métabolisme d'un ligand d'au moins une protéine choisie parmi les protéines SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24 et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29) et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à SEQ ID N° 8 et SEQ ID N° 10 à 29 et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, par exemple un récepteur ou un co-facteur. On peut penser que ces protéines de l'organisme humain peuvent être inhibées sans effet secondaire.

Un autre aspect important de l'invention concerne l'identification et l'évaluation de l'efficacité thérapeutique de substances naturelles et/ou synthétiques (i) capables de bloquer et/ou d'inhiber l'activité des protéines d'intérêt de l'invention et/ou de leur fragment : SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24 et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29) et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29 et/ou (ii) capables d'inhiber leur métabolisme tels les inhibiteurs du métabolisme correspondant, les inhibiteurs d'enzymes activées par les co-enzymes, (iii) capables de réguler l'expression des protéines d'intérêt (SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24 et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la

calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29) et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des

5 séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, (iv) capables d'inhiber la fonction et/ou l'expression des ligands des protéines d'intérêt SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24 et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la

10 calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29) et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, comme par exemple des récepteurs. Ces

15 substances peuvent être utilisées dans des traitements prophylactiques et thérapeutiques de la maladie. L'invention concerne également des méthodes pour traiter et prévenir une maladie auto-immune, par exemple la SEP, en administrant des quantités effectives de ces substances. Les substances peuvent être des protéines, des anticorps, de petites molécules synthétiques ou naturelles, des dérivés des protéines identifiées dans cette

20 invention, des lipides, des glycolipides etc Les petites molécules peuvent être criblées et identifiées en grande quantité en utilisant des bibliothèques combinatoires chimiques. L'invention concerne également des compositions pharmaceutiques comprenant ces substances en association avec des carriers physiologiques acceptables, et des méthodes pour la préparation de médicaments à utiliser en thérapie ou en

25 prévention de maladies auto-immunes dont la SEP en utilisant ces substances.

Pour identifier des molécules inhibitrices de faible poids moléculaire comme des drogues candidates pour les maladies dégénératives et/ou neurologiques et/ou auto-immunes, telles que la sclérose en plaques, on utilise les tests et protocoles décrits dans précédemment et dans les demandes de brevet incorporés à titre de

30 référence, en utilisant des échantillons prélevés du patient non traité ou traité, du modèle animal non traité ou traité, ou de tissus du modèle animal non traité ou traité. Cet aspect

de l'invention inclue également un procédé pour identifier des substances capables de bloquer ou d'inhiber l'activité des protéines d'intérêt, comprenant l'introduction de ces substances dans un test *in vitro* ou dans un modèle animal *in vivo*. Les molécules sélectionnées sont testées à différentes concentrations. Ces inhibiteurs sont aussi testés
 5 dans des essais de toxicité et pharmacocinétique pour savoir si ils peuvent représenter des drogues candidates valables. Les substances testées pour l'inhibition ou le blocage des activités protéiques ou de l'expression des protéines, dans ces procédures de criblage peuvent être des protéines, des anticorps, des fragments d'anticorps, de petites molécules synthétiques ou naturelles, des dérivés des protéines d'intérêt, etc Les
 10 petites molécules peuvent être criblées et identifiées en grande quantité en utilisant des bibliothèques combinatoires chimiques.

A titre d'exemple, on peut citer comme substances inhibitrices :

Les inhibiteurs des protéines identifiées dans la présente invention (SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24), les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences
 15 appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29) et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins
 20 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, et les inhibiteurs des fragments desdites protéines. Ces inhibiteurs peuvent être compris dans une composition prophylactique et thérapeutique, en particulier pour le traitement de la sclérose en plaques. Par exemple la lycorine, alcaloïde extrait de Amaryllidaceae (ex *Crinum Asiaticum*) est utilisée *in vitro* à
 25 une concentration comprise entre 0.1 et 0.5 µg /ml et *in vivo* à une concentration comprise entre 0.1 et 1 mg / kg /jour. Par exemple, le Rolipram (nom commercial) et l'Ibudilast (nom commercial), qui sont deux molécules de la même famille des inhibiteurs des phosphodiésterases 4(PDE4) sont utilisées *in vitro* à des concentrations comprises entre 1 et 10 µM/l et *in vivo* à des concentrations comprises entre environ 10 mg / kg
 30 /jour.

➤ A partir des séquences d'acides aminés des protéines SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24 et des séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29), il est évident que l'on peut déduire les séquences nucléotidiques ADN et ARN (SEQ ID N° 30, 31, 42, 53) correspondant aux protéines d'intérêt et les séquences codant pour les protéines de la famille de ces protéines d'intérêt (par exemple SEQ ID N° 32 à 41, SEQ ID N° 43 à 52, SEQ ID N° 54 à 57, SEQ ID N° 66 à 67), en tenant compte du code génétique et de sa dégénérescence. Ainsi la présente invention concerne l'utilisation de ces séquences nucléotidiques sous forme

- de séquences anti-sens
- de séquences codant pour un gène thérapeutique
- de séquences pouvant être contenue dans un vecteur pour la réalisation de transformation cellulaire ex vitro et/ou in vivo (thérapie génique)

Utilisation d'acides nucléiques déduits des séquences en acides aminés des protéines d'intérêt identifiées dans la présente invention ; acides nucléiques anti-sens et/ou codant pour un gène thérapeutique.

La présente invention concerne un matériel biologique pour la préparation de compositions pharmaceutiques destinées au traitement de mammifères atteint de maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, en particulier la sclérose en plaques, la composition comprenant (i) soit au moins une séquence d'acide nucléique capable de s'hybrider à une séquence d'acides nucléiques codant pour les protéines d'intérêt (SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24) et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29) et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98

d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, ou leur(s) fragment(s), (ii) soit au moins une séquence d'acide nucléique comprenant au moins un gène d'intérêt thérapeutique codant pour les protéines ou un fragment de protéines (SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24), les séquences peptidiques ou les fragments
 5 desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29) et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 %
 10 d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, et des éléments assurant l'expression dudit gène *in vivo* dans des cellules cibles destinées à être génétiquement modifiées par ladite séquence nucléique.

Par séquence d'acide nucléique, on entend un fragment d'ADN et/ou
 15 d'ARN, double brin ou simple brin, linéaire ou circulaire, naturel et isolé ou de synthèse, désignant un enchaînement précis de nucléotides, modifiés ou non, permettant de définir un fragment ou une région d'un acide nucléique choisi dans le groupe consistant en un cDNA ; un ADN génomique ; un ADN plasmidique ; un ARN messager. Ces séquences d'acides nucléiques sont déduites de la séquence d'acides aminés des protéines SEQ ID
 20 N° 2, 4, 8, 9, 17, 24 et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29) et les
 25 séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, en utilisant le code génétique. En raison de la dégénérescence du code génétique l'invention englobe également des séquences équivalentes ou homologues. Ces séquences définies permettent à l'homme de l'art de
 30 définir lui-même les acides nucléiques adaptés.

Aussi, la présente invention concerne un matériel biologique pour la préparation de compositions pharmaceutiques comprenant au moins une séquence d'acide nucléique capable de s'hybrider à une séquence d'acides nucléiques codant pour les protéines d'intérêt ou leur(s) fragment(s) (SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24) et les
5 séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29) et les séquences
10 peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29.

L'invention consiste à définir et utiliser des molécules d'acides nucléiques complémentaires des séquences ADN et/ou ARN codant pour les protéines d'intérêt ou
15 leur(s) fragment(s). Ces fragments correspondent à des molécules anti-sens ou ribozyme et peuvent être synthétisés à l'aide de synthétiseurs automatiques, tels que ceux commercialisés par la société Applied Biosystem. L'invention décrit l'utilisation de ces acides nucléiques capables de s'hybrider dans des conditions stringentes à l'ADN ou/et ARN codant pour les protéines de l'invention ou pour leur(s) fragment(s). Des
20 conditions de stringence caractéristiques sont celles qui correspondent à une combinaison de la température et de la concentration saline choisie approximativement entre 12 à 20°C sous le T_m ('melting temperature') de l'hybride à l'étude. De telles molécules sont synthétisées et peuvent être marquées en utilisant des méthodes de marquage conventionnelles utilisées pour les sondes moléculaires, ou peuvent être
25 utilisées comme amorces dans les réactions d'amplification. Les séquences qui présentent au moins 90% d'homologie par rapport à une séquence de référence font également partie de l'invention, de même que les fragments de ces séquences qui présentent au moins 20 nucléotides et de préférence 30 nucléotides contigus homologues par rapport à une séquence de référence. Afin de réduire la proportion de
30 peptides naturels ou variants, il est possible d'envisager une approche anti-sens et/ou ribozyme. Une telle approche est largement décrite dans la littérature. Bien entendu, de

telles molécules anti-sens peuvent constituer en tant que telles des vecteurs. On peut également utiliser des vecteurs qui comprennent une séquence d'acides nucléique qui code pour un anti-sens.

La présente invention concerne un matériel biologique pour la préparation de compositions pharmaceutiques destinées au traitement de mammifères atteint de maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, telle que la sclérose en plaques, ladite composition comprenant au moins une séquence d'acide nucléique contenant au moins un gène d'intérêt thérapeutique et des éléments assurant l'expression dudit gène *in vivo* dans des cellules cibles destinées à être génétiquement modifiées par ladite séquence nucléique.

Ces séquences d'acides nucléiques et/ou vecteurs (anti-sens ou codant pour une protéine ou un fragment d'une protéine) permettent de cibler les cellules dans lesquelles le peptide est exprimé, telles que les cellules macrophages : (i) soit par l'utilisation d'une molécule de ciblage introduite sur le vecteur, (ii) soit par l'utilisation d'une propriété particulière de ces cellules.

Utilisation de vecteurs comprenant un gène d'intérêt thérapeutique correspondant aux gènes des protéine d'intérêt identifiées dans la présente invention.

La présente invention concerne un matériel biologique pour la préparation de compositions pharmaceutiques destinées à la prévention et au traitement de maladies dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, telles que la sclérose en plaques, la composition comprenant une séquence d'acide nucléique comprenant un gène d'intérêt thérapeutique et des éléments d'expression dudit gène d'intérêt. Les gènes peuvent être non mutés ou mutés. Ils peuvent également consister en des acides nucléiques modifiés de sorte qu'il ne leur est pas possible de s'intégrer dans le génome de la cellule cible ou des acides nucléiques stabilisés à l'aide d'agents, tels que la spermine.

Un tel gène d'intérêt thérapeutique code notamment :

(i) soit au moins pour une protéine choisie parmi les protéines identifiées dans la présente invention (SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24) et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine

B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29) et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, ou leur(s) fragment(s),

(ii) soit au moins pour tout ou partie d'un anticorps polyclonal ou monoclonal capable de se fixer à au moins une protéine ou un fragment de protéine choisi parmi les protéines identifiées dans la présente invention (SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24) et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29) et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29. Il peut notamment s'agir d'anticorps transmembranaire natif, ou de fragment ou dérivé d'un tel anticorps, pour autant que ledit anticorps, fragment ou dérivé d'anticorps soit exprimé à la surface de la cellule cible du mammifère génétiquement modifiée et soit capable de se fixer à un polypeptide présent à la surface d'une cellule effectrice cytotoxique ou d'un lymphocyte T « helper » impliqué dans le procédé d'activation d'une telle cellule,

(iii) soit au moins pour une molécule inhibitrice d'au moins une protéine ou de ses fragments, ladite protéine étant choisie parmi les protéines identifiées (SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24) et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29) et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29; les protéines inhibitrices de la fonction et/ou

du métabolisme et/ou de la fixation des protéines SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24 et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29) et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29,

(iv) soit au moins pour un ligand ou toute partie d'un ligand capable de se fixer à au moins une protéine ou un fragment de protéine choisi parmi les protéines identifiées (SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24) et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29) et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, et/ou d'inhiber sa fonction.

Plus particulièrement, par fragment d'anticorps, on entend les fragments F(ab)₂, Fab', Fab, sFv (Blazar et al., 1997, Journal of Immunology 159 : 5821-5833 ; Bird et al., 1988 Science 242 : 423-426) d'un anticorps natif et par dérivé on entend, par exemple, un dérivé chimérique d'un tel anticorps (voir par exemple les chimères des anticorps antiCD3 Souris/Homme dans Arakawa et al., 1996 J Biochem 120 : 657-662 ou les immunotoxines telles que sFv-toxine de Chaudary et al 1989, Nature 339 : 394-397). Par anticorps transmembranaire on entend un anticorps dont au moins la région fonctionnelle capable de reconnaître et de se fixer à son antigène spécifique est exprimée à la surface des cellules cibles pour permettre lesdites reconnaissance et fixation. Plus particulièrement, les anticorps selon la présente invention consistent en des polypeptides de fusion comprenant les amino acides définissant ladite région fonctionnelle et une

séquence d'acides aminés (polypeptide transmembranaire) permettant l'ancrage au sein de la double couche lipidique membranaire de la cellule cible ou à la surface externe de cette bi-couche. Les séquences nucléiques codant pour de nombreux polypeptides transmembranaires sont décrites dans la littérature. Selon un cas tout à fait avantageux, la séquence d'acide nucléique codant pour la chaîne lourde de l'anticorps est fusionnée avec la séquence d'acide nucléique codant pour un dit polypeptide transmembranaire.

Par éléments assurant l'expression dudit gène *in vivo* on fait notamment référence aux éléments nécessaires pour assurer l'expression dudit gène après son transfert dans une cellule cible. Il s'agit notamment des séquences promotrices et/ou des séquences de régulation efficaces dans ladite cellule, et éventuellement les séquences requises pour permettre l'expression à la surface des cellules cibles dudit polypeptide. Le promoteur utilisé peut être un promoteur viral, ubiquitaire ou spécifique de tissu ou encore un promoteur synthétique. A titre d'exemple, on mentionnera les promoteurs tels que les promoteurs des virus RSV (Rous Sarcoma Virus), MPSV, SV40 (Simian Virus), CMV (Cytomegalovirus) ou du virus de la vaccine, les promoteurs du gène codant pour la créatine kinase musculaire, pour l'actine. Il est en outre possible de choisir une séquence promotrice spécifique d'un type cellulaire donné, ou activable dans des conditions définies. La littérature procure un grand nombre d'informations relatives à de telles séquences promotrices.

Par ailleurs, ledit acide nucléique peut comprendre au moins deux séquences, identiques ou différentes, présentant une activité de promoteur transcriptionnel et/ou au moins deux gènes, identiques ou différents, situés l'un par rapport à l'autre de manière contiguë, éloignée, dans le même sens ou dans le sens inverse, pour autant que la fonction de promoteur transcriptionnel ou la transcription desdits gènes ne soit pas affectée.

De même dans ce type de construction d'acide nucléique, il est possible d'introduire des séquences nucléiques « neutres » ou introns qui ne nuisent pas à la transcription et sont épissées avant l'étape de traduction. De telles séquences et leurs utilisations sont décrites dans la littérature (référence : demande de brevet PCT WO 94/29471).

Ledit acide nucléique peut également comprendre des séquences requises pour le transport intracellulaire, pour la réplication et/ou pour l'intégration, pour la transcription et/ou la traduction. De telles séquences sont bien connues de l'homme de l'art.

5 Par ailleurs, les acides nucléiques utilisables selon la présente invention peuvent également être des acides nucléiques modifiés de sorte qu'il ne leur est pas possible de s'intégrer dans le génome de la cellule cible ou des acides nucléiques stabilisés à l'aide d'agents, tels que par exemple la spermine, qui en tant que tels n'ont pas d'effet sur l'efficacité de la transfection.

10 Selon un mode de réalisation de l'invention, la séquence d'acide nucléique est une séquence d'ADN ou ARN nue, c'est à dire libre de tout composé facilitant son introduction dans les cellules (transfert de séquence d'acide nucléique). Toutefois, selon un second mode de réalisation de l'invention, afin de favoriser son introduction dans les cellules cibles et afin d'obtenir les cellules génétiquement modifiées de l'invention, cette

15 séquence d'acide nucléique peut être sous la forme d'un « vecteur », et plus particulièrement sous la forme d'un vecteur viral, tel que par exemple un vecteur adénoviral, rétroviral, un vecteur dérivé d'un poxvirus, notamment dérivé du virus de la vaccine ou du Modified Virus Ankara (MVA) ou d'un vecteur non viral tel que, par exemple, un vecteur consistant en au moins une dite séquence d'acide nucléique

20 complexée ou conjuguée à au moins une molécule ou substance porteuse sélectionnée parmi le groupe consistant en un amphiphile cationique, notamment un lipide cationique, un polymère cationique ou neutre, un composé polaire pratique notamment choisi parmi le propylène glycol, le polyéthylène glycol, le glycérol, l'éthanol, la 1-méthyl L-2-pyrrolidone ou leurs dérivés, et un composé polaire aprotique notamment choisi parmi le

25 diméthylsulfoxyde (DMSO), le diéthylsulfoxyde, le di-n-propylsulfoxyde, le diméthylsulfone, le sulfolane, la diméthylformamide, le diméthylacetamide, la tetraméthylurée, l'acétonitrile ou leurs dérivés. La littérature procure un nombre important d'exemples de tels vecteurs viraux et non viraux.

De tels vecteurs peuvent en outre et de préférence comprendre des

30 éléments de ciblage pouvant permettre de diriger le transfert de séquence d'acide nucléique vers certains types cellulaires ou certains tissus particuliers tels que les cellules

cytotoxiques et les cellules présentatrices de l'antigène). Ils peuvent également permettre de diriger le transfert d'une substance active vers certains compartiments intracellulaires préférés tel que le noyau, les mitochondries ou les peroxysomes, par exemple. Il peut en outre s'agir d'éléments facilitant la pénétration à l'intérieur de la cellule ou la lyse de compartiments intracellulaires. De tels éléments de ciblage sont
 5 largement décrits dans la littérature. Il peut par exemple s'agir de tout ou partie de lectines, de peptides, notamment le peptide JTS-1 (voir demande de brevet PCT WO 94/40958), d'oligonucléotides, de lipides, d'hormones, de vitamines, d'antigènes, d'anticorps, de ligands spécifiques de récepteurs membranaires, de ligands susceptibles
 10 de réagir avec un anti-ligand, de peptides fusogènes, de peptides de localisation nucléaire, ou d'une composition de tels composés.

Utilisation de cellules transformées *in vivo* après injection de vecteurs contenant au moins un gène d'intérêt thérapeutique défini à partir des protéines d'intérêt identifiées dans la présente invention (SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24) et les séquences
 15 peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29) et les séquences peptidiques qui
 20 présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29.

La présente invention concerne un matériel biologique pour la préparation de compositions pharmaceutiques destinée à la prévention et au traitement de
 25 mammifères atteint de maladies dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, de préférence la sclérose en plaques, la composition comprenant au moins un vecteur contenant un gène thérapeutique comme décrit ci-dessous, capable d'être introduit dans une cellule cible *in vivo* et d'exprimer le gène d'intérêt thérapeutique *in vivo*. L'avantage de cette invention repose sur la possibilité de maintenir sur le long terme un niveau basal
 30 de molécules exprimées dans le patient traité. Des vecteurs ou acides nucléiques codant pour des gènes d'intérêt thérapeutique sont injectés. Ces vecteurs et acides nucléiques

doivent être transportés jusqu'aux cellules cibles et transfecter ces cellules dans lesquelles ils doivent être exprimés *in vivo*.

L'invention concerne l'expression *in vivo* de séquences nucléotidiques et/ou de vecteurs tels que désignés dans le paragraphe précédent, c'est-à-dire des
 5 séquences correspondant à des gènes d'intérêt thérapeutique codant notamment :

(i) soit au moins pour une protéine choisie parmi les protéines identifiées dans la présente invention (SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24) et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au
 10 rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29) et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences
 15 peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, ou leur(s) fragment(s),

(i) soit au moins pour tout ou partie d'un anticorps polyclonal ou monoclonal capable de se fixer à au moins une protéine choisie parmi les protéines identifiées dans la présente invention (SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24) et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de
 20 protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29) et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au
 25 moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29. Il peut s'agir d'anticorps transmembranaire natif, ou de fragment ou dérivé d'un tel anticorps, pour autant que ledit anticorps, fragment ou dérivé d'anticorps soit exprimé à la surface de la cellule
 30 cible de mammifère génétiquement modifiée et en ce que ledit anticorps est capable de se fixer à un polypeptide présent à la surface d'une cellule effectrice cytotoxique ou d'un lymphocyte T « helper » et impliqué dans le procédé d'activation d'une telle

cellule. Il peut s'agir de fragments d'anticorps exprimés par des cellules capables de sécréter lesdits anticorps dans la circulation sanguine d mammifère ou patient porteur des cellules génétiquement modifiées par le gène codant pour l'anticorps,

(ii) soit au moins pour une molécule inhibitrice d'au moins une protéine choisie parmi les protéines identifiées (SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24) et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29) et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29; protéine inhibitrice de la fonction et/ou du métabolisme et/ou de la fixation des protéines SEQ ID N° 2, 4, 8,9, 17, 24 et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29) et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29,

(iii) soit au moins pour un ligand ou toute partie du ligand capable de se fixer sur au moins une protéine choisie parmi les protéines identifiées (SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24) et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29) et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec

l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, et/ou d'inhiber sa fonction.

Selon un mode de réalisation particulier, il s'agit d'utiliser la thérapie génique de manière à diriger la réponse immune contre la protéine, le peptide ou la molécule d'intérêt cible, c'est-à-dire contre toute protéine choisie parmi les protéines SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24 et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29) et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, leur(s) fragment(s) et/ou contre toute molécule inhibitrice de la fonction et/ou de l'expression et/ou du métabolisme desdites protéines d'intérêt, et/ou des ligands desdites protéines comme par exemple les récepteurs. Pour cela il est évident que les cellules à cibler pour la transformation avec un vecteur sont des cellules appartenant au système immunitaire, soit des cellules de type lymphocytes (CD4/CD8), soit des cellules présentatrices de l'antigène (cellules dendritiques, macrophages, ...).

Selon un mode de réalisation particulier, on modifie génétiquement, notamment *in vivo*, les cellules présentatrices de l'antigène (CPA). Les CPA comme les macrophages, les cellules dendritiques, les microgliocytes, les astrocytes jouent un rôle dans l'initiation de la réponse immunitaire. Elles sont les premiers composants cellulaires qui capturent l'antigène, l'apprête dans la cellule et expriment des molécules du CMHI et CMHII transmembranaires impliquées dans la présentation de l'immunogène aux cellules T CD4⁺ et CD8⁺, elles produisent des protéines accessoires spécifiques qui participent à l'activation des cellules T (Debrick et al., 1991, J. Immunol 147 : 2846 ; Reis et al., 1993, J Ep Med 178 : 509 ; Kovacsovics-bankowski et al., 1993, PNAS 90 : 4942; Kovacsovics-bankowski et al., 1995 Science 267 : 243 ; Svensson et al., 1997, J Immunol 158 : 4229 ; Norbury et al., 1997, Eur J Immunol 27 : 280). Pour une vaccination, il peut être avantageux de disposer d'un système de thérapie génique qui

peut cibler le transfert de gène dans de telles cellules APC, c'est -à-dire un gène qui code pour un polypeptide qui peut, après sa production intracellulaire et on processing, être présenté aux cellules CD8+ et/ou CD4+ par les molécules des complexes CMHI et CMHII respectivement à la surface de ces cellules.

5 On choisit d'exprimer à la surface des cellules CPA *in vivo* tout ou partie d'un anticorps et/ou d'un ligand comme par exemple un récepteur, capable de réagir avec la protéine ou le peptide cible choisis parmi les protéines SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24 et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine
10 plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29) et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des
15 séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29. De telles cellules vont alors spécifiquement phagocyter ladite protéine ou ledit peptide, le « processor » de façon à ce que des fragments de ce peptide soient présentés à la surface des cellules présentatrices de l'antigène.

La littérature propose un grand nombre d'exemples de gènes codant pour
20 des anticorps capables de réagir avec des polypeptides ou récepteurs. Il est à la portée de l'homme de l'art d'obtenir les séquences d'acides nucléiques codant pour de tels anticorps. Citons par exemple les gènes codant pour les chaînes légère et lourde de l'anticorps YTH 12.5 (anti-CD3) (Routledge et al. 1991, Eur J Immunol 21 : 2717-2725), de l'anti-CD3 selon Arakawa et al ; 1996, J. Biochem. 120 : 657-662. Les
25 séquences d'acide nucléique de tels anticorps sont aisément identifiables à partir des bases de données communément utilisées par l'homme du métier. Il est également possible à partir d'hybridomes disponibles auprès de l'ATCC de cloner les séquences d'acides nucléiques codant pour les chaînes lourdes et/ou légères de ces différents anticorps par les méthodes d'amplification telles que la RT-PCR à l'aide
30 d'oligonucléotides spécifiques ou les techniques mettant en œuvre des banques de cDNA (Maniatis et al ., 1982, Molecular cloning. A laboratory manual CSH Laboratory,

Cold Spring Harbor, New York). Les séquences ainsi clonées sont alors disponibles pour leur clonage dans des vecteurs. Selon un cas préféré de l'invention, la séquence d'acide nucléique codant pour la chaîne lourde de l'anticorps est fusionnée par recombinaison homologue avec la séquence d'acide nucléique codant pour un polypeptide transmembranaire tel que la glycoprotéine rabique ou la gp160 (Polydefkis et al., 1990J Exp Med 171 : 875-887). Ces techniques de biologie moléculaire ont été parfaitement bien décrites.

On choisit d'exprimer à la surface des cellules CPA *in vivo* des fragments immunogènes correspondant à au moins une protéines choisie parmi les protéines SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24 et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29) et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29. Pour cela, on peut choisir de faire exprimer par le vecteur soit le polypeptide complet soit de manière préférée des polypeptides sélectionnés pour réagir avec des ligands et/ou récepteurs spécifiques. Le peptide immunogène codé par le polynucléotide introduit dans la cellule du vertébré *in vivo* peut être produit et/ou sécrété, apprêté puis présenté à une cellule présentatrice de l'antigène (APC) dans le contexte des molécules du CMH. Les APC ainsi transférées *in vivo* induisent une réponse immune dirigée contre l'immunogène exprimé *in vivo*. Les APC possèdent différents mécanismes pour capturer les antigènes : (a) la capture des antigènes par des récepteurs membranaires comme les récepteurs aux immunoglobulines (Fc) ou pour le complément disponibles à la surface des granulocytes, des monocytes ou macrophages permettant une délivrance efficace de l'antigène dans les compartiments intracellulaires après phagocytose médiée par les récepteurs. (b) l'entrée dans les APC par pinocytose en phase fluide, impliquant différents mécanismes : la micropinocytose c'est-à-dire la capture de petites vésicules (0.1 µm) par les puits recouverts de clathrine et la macropinocytose c'est-à-dire la capture de plus grosses vésicules (avec une taille

variant entre 0.5 μm et environ 6 μm) (Sallusto et al. 1995, J Exp Med 182 : 389-400). Tandis que la micropinocytose existe de façon constitutive dans toutes les cellules, la macropinocytose est limitée à des types cellulaires, comme par exemple les macrophages, les cellules dendritiques, les astrocytes, les cellules épithéliales stimulées par des facteurs de croissance (Racoosin et al., J Cell Sci 1992, 102 : 867-880). Dans cette invention, on entend par cellules capables de macropinocytose, les cellules qui peuvent réaliser les événements décrits ci-dessus et les cellules qui peuvent capturer des macromolécules de préférence entre 0.5 μm et environ 6 μm dans le cytoplasme.

Selon un mode de réalisation particulier, on modifie génétiquement notamment *in vivo*, les cellules effectrices cytotoxiques ou les lymphocytes T « helper » de façon à ce qu'elles expriment à leur surface un polypeptide correspondant aux protéines SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24 et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29) et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, à des ligands desdites protéines, naturellement non exprimés par ces cellules, et capables d'induire le procédé d'activation de telles cellules, par l'introduction dans ces cellules de séquences d'acide nucléique renfermant le gène codant pour un tel polypeptide. Conformément à la présente invention, il est également possible de sélectionner une séquence d'acide nucléique contenant un gène d'intérêt thérapeutique codant pour tout ou partie d'un anticorps dirigé contre une protéine choisie parmi les protéines SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24 et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29) et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins

80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, susceptible d'être exprimé à la surface des cellules cibles du patient à traiter, ledit anticorps étant capable de se fixer à un polypeptide naturellement non exprimé par ces cellules effectrices cytotoxiques ou lymphocytes T « helper ».

Par cellules effectrices cytotoxiques, on entend désigner les macrophages, les astrocytes, les lymphocytes T cytotoxiques (TCL) et les cellules tueuses (NK) ainsi que leurs dérivés telles que par exemple les LAK (Versteeg 1992 *Immunology today* 13 : 244-247 ;Brittende et al 1996, *Cancer* 77 :1226-1243). Par 'lymphocytes T helper' on entend désigner notamment les CD4 qui permettent après activation la sécrétion de facteurs d'activation des cellules effectrices de la réponse immune. Les polypeptides et notamment les récepteurs exprimés à la surface de ces cellules et qui sont impliqués dans l'activation de telles cellules consistent notamment en tout ou partie du complexe TCR ou le CD3, tout ou partie des complexes CD8, CD4, CD28, LFA-1, 4-1BB (Melero et al., 1998, *Eur J Immunol* 28 : 1116-1121), CD47, CD2, CD1, CD9, CD45, CD30, CD40, tout ou partie des récepteurs de cytokines (Finke et al., 1998, *Gene therapy* 5 : 31-39), telles que IL-7, IL-4, IL-2, IL-15 ou GM-CSF, tout ou partie du complexe récepteur des cellules NK tel que par exemple NKAR, Nkp46, .. ; (Kawano et al., 1998 *Immunology* 95 :5690-5693 ; Pessino et al., 1998 *J Exp Med* 188 :953-960), Nkp44, tout ou partie des récepteurs de macrophages tels que par exemple le récepteur Fc (Deo et al., 1997, *Immunology Today* 18 : 127-135).

De nombreux outils ont été développés pour introduire différents gènes hétérologues et/ou vecteurs dans des cellules, en particulier des cellules de mammifères. Ces techniques peuvent être divisées en deux catégories : la première catégorie implique des technique physiques comme la micro-injection, l'électroporation ou le bombardement de particules. La seconde catégorie est basée sur l'utilisation de techniques en biologie moléculaire et cellulaire avec lesquelles le gène est transféré avec un vecteur biologique ou synthétique qui facilite l'introduction du matériel dans la cellule in vivo. Aujourd'hui, les vecteurs les plus efficaces sont les vecteurs viraux en particulier les adénoviraux et rétroviraux. Ces virus possèdent des propriétés naturelles pour traverser les membranes plasmiques, éviter la dégradation de leur matériel

génétique et introduire leur génome dans le noyau de la cellule. Ces virus ont été largement étudiés et certains sont déjà utilisés expérimentalement dans des applications humaines en vaccination, en immunothérapie, ou pour compenser des déficiences génétiques. Cependant cette approche virale a des limitations notamment due à la

5 capacité de clonage restreinte dans ces génomes viraux, le risque de disséminer les particules virales produites dans l'organisme et l'environnement, le risque de mutagénèse artéfactuelle par insertion dans la cellule hôte dans le cas des rétrovirus, et la possibilité d'induire une forte réponse immune inflammatoire *in vivo* pendant le traitement, ce qui limite le nombre d'injections possibles (Mc Coy et al. 1995, human

10 Gene Therapy 6 : 1553-1560 ; Yang et al., 1996 Immunity 1 : 433-422). D'autres systèmes alternatifs à ces vecteurs viraux existent. L'utilisation de méthodes non virales comme par exemple la co-précipitation avec le phosphate de calcium, l'utilisation de récepteurs qui miment les systèmes viraux (pour un résumé voir Cotten et Wagner 1993, Current Opinion in Biotechnology, 4 : 705-710), ou l'utilisation de polymères comme

15 les polyamidoamines (haensler et Szoka 1993, Bioconjugate Chem 4 : 372-379). D'autres techniques non virales sont basées sur l'utilisation de liposomes dont l'efficacité pour l'introduction de macromolécules biologiques comme l'ADN, l'ARN des protéines ou des substances pharmaceutiques actives a été largement décrite dans la littérature scientifique. Dans ce domaine des équipes ont proposé l'utilisation de lipides

20 cationiques ayant une forte affinité pour les membranes cellulaires et/ou les acides nucléiques. En fait il a été montré qu'une molécule d'acide nucléique elle-même pouvait traverser la membrane plasmique de certaines cellules *in vivo* (WO 90/11092), l'efficacité étant dépendante en particulier de la nature polyanionique de l'acide nucléique. Dès 1989 (Felgner et al., Nature 337 : 387-388) les lipides cationiques ont

25 été proposés pour faciliter l'introduction de larges molécules anioniques, ce qui neutralise les charges négatives de ces molécules et favorise leur introduction dans les cellules. Différentes équipes ont développés de tels lipides cationiques : le DOTMA (Felgner et al., 1987, PNAS 84 : 7413-7417), le DOGS ou TransfectamTM (Behr et al., 1989, PNAS 86 : 6982-6986), le DMRIE et le DORIE (Felgner et al., 1993 methods 5 :

30 67-75), le DC-CHOL (Gao et Huang 1991, BBRC 179 : 280-285), le DOTAPTM (McLachlan et al., 1995, Gene therapy 2 : 674-622) ou la LipofectamineTM, et les autres

molécules décrites dans les brevets WO9116024, WO9514651, WO9405624. D'autres groupes ont développés des polymères cationiques qui facilitent le transfert de macromolécules en particulier des macromolécules anioniques dans les cellules. Le brevet WO95/24221 décrit l'utilisation de polymères dendritiques, le document
 5 WO96/02655 décrit l'utilisation du polyéthylèneimine ou polypropylèneimine et les document US-A-5595897 et FR 2719316, l'utilisation des conjugués polylysine.

Etant donné que l'on souhaite obtenir *in vivo* une transformation ciblée vers un type cellulaire donné, il est évident que le vecteur utilisé doit pouvoir être lui-même « ciblé » comme décrit ci dessus).

10 Utilisation de cellules transformées *in vitro* ou *ex vivo* avec des vecteurs contenant un gène d'intérêt thérapeutique défini par rapport aux protéines d'intérêt identifiées dans la présente invention (SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24) et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison
 15 au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29) et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences
 20 peptidiques SEQ ID N° 1 à 29.

La présente invention concerne un matériel biologique pour la préparation de compositions pharmaceutiques destinée à la prévention et au traitement de maladies dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, de préférence la sclérose en plaques, la composition comprenant au moins une cellule, notamment une cellule ne
 25 produisant pas naturellement des anticorps, sous une forme permettant leur administration dans l'organisme d'un mammifère, humain ou animal, ainsi qu'éventuellement leur culture préalable, ladite cellule étant génétiquement modifiée *in vitro* par au moins une séquence d'acide nucléique contenant au moins un gène codant *in vivo* pour

30 (i) au moins une protéine choisie parmi les protéines SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences

appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29) et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29 et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, et tout fragment

(ii) au moins un peptide défini à partir de la séquence primaire d'au moins une protéine choisie parmi les protéines SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29) et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29,

(iii) au moins toute molécule inhibitrice de la fonction et/ou de la fixation et/ou de l'expression de ces protéines,

(iv) au moins un peptide issu de la séquence primaire d'une protéine choisie parmi les protéines SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29) et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences

peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, et capable de se fixer sur au moins une glycoprotéine du CMHI,

(v) au moins tout anticorps et toute partie d'anticorps capables de se fixer à au moins une protéine choisie parmi les protéines SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B (par exemple SEQ ID N°1, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 5 à 7, SEQ ID N° 10 à 16, SEQ ID N° 18 à 23, SEQ ID N° 25 à 29) et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29.

Plus particulièrement, ladite cellule cible provient soit du mammifère à traiter, soit d'un autre mammifère que celui à traiter. Dans ce dernier cas, il convient de noter que ladite cellule cible aura subi un traitement la rendant compatible avec le mammifère à traiter. Selon un as préféré, par 'mammifère' on entend désigner un mammifère humain. Ces cellules sont établies en lignées cellulaires et sont préférentiellement CMHII⁺ ou CMHII⁺-inductibles comme les lymphocytes, les monocytes, les astrocytes, les oligodendrocytes.

L'invention concerne également les cellules modifiées et un procédé de préparation d'une cellule telle que décrite ci dessus caractérisé en ce que l'on introduit dans une cellule de mammifère ne produisant pas naturellement d'anticorps, par tout ou moyen approprié, au moins une séquence d'acide nucléique contenant au moins un gène d'intérêt thérapeutique et des éléments assurant l'expression dudit gène dans ladite cellule, ledit gène d'intérêt thérapeutique contenant une séquence d'acide nucléique codant pour une molécule ou un fragment de molécule *in vivo*, comme décrit juste ci-dessus. Plus particulièrement, elle concerne des cellules procaryotes, des cellules de levure et des cellules animales, en particulier des cellules de mammifères transformées par au moins une séquence nucléotidique et/ou un vecteur tel que décrit précédemment.

Selon un mode de réalisation particulier, les cellules (cellules dendritiques, macrophages, astrocytes, lymphocytes T CD4⁺, lymphocytes T CD8⁺,) du patient

ou allogéniques sont placées en contact d'une préparation purifiée du polypeptide cible, celui-ci étant internalisé, apprêté et présenté à la surface cellulaire associé aux molécules du CMHI et/ou CMHII et ainsi induire une réponse immune spécifique contre le peptide. Les cellules « activées » sont ensuite administrées au patient chez lequel elles vont induire une réponse immune spécifique des antigènes (on utilise une voie naturelle de la réponse immune, mais on contrôle ce que la cellule présentatrice de l'antigène va présenter)

Selon un mode de réalisation particulier, les cellules présentatrices d'antigène (cellule dendritique, macrophage, astrocytes,...) sont modifiées *in vitro* pour exprimer les antigènes dans la cellule transformée qui vont s'associer aux molécules du CMHI et/ou CMHII et être présentées à la surface des cellules pour induire chez le patient chez lequel on administre la cellule modifiée une réaction immune parfaitement ciblée.

Toutes les approches vaccinales ne sont pas toujours satisfaisantes et conduisent par exemple à des réactions immunes limitées dirigées uniquement à l'encontre d'épitopes immunodominants ou contre des antigènes présentant une grande variabilité. De même la présentation incorrecte des antigènes par les glycoprotéines du système CMH à la surface des cellules, ne permet pas de développer chez le patient traité une immunité anti-protéine d'intérêt convenable. Afin de pallier ces problèmes, certains auteurs ont proposé dans le cadre de tels procédés vaccinaux, de sélectionner les fragments minimaux antigéniques correspondant aux portions de peptide susceptibles d'être reconnus spécifiquement par les lymphocytes T cytotoxiques, de les exprimer dans les cellules afin qu'ils s'associent aux molécules du CMHI et soient présentés à la surface des cellules pour induire chez le patient traité une réaction immunitaire parfaitement ciblée (Toes et al. 1997, PNAS 94 : 14660-14665). Plus particulièrement, il a été montré que des épitopes de très petites tailles (variant de 7 à environ 13 acides aminés) qui sont exprimés à partir de minigènes introduits dans un virus de la vaccine, pouvaient induire une immunisation de type cellulaire. Il a par ailleurs été montré que plusieurs minigènes pouvaient être exprimés conjointement à partir d'un même vecteur (cette construction particulière est appelée 'string of beads'). Une telle construction

présente l'avantage d'induire une réaction immune de type CTL synergique (Whitton et al., 1993 J. of Virology 67 : 348-352).

Protocole de mise en contact des cellules et du fragment antigénique :

La présentation des fragments antigéniques par les molécules CMHI repose
 5 sur un procédé intracellulaire identifié (voir Groettrup et al., 1996 Immunology Today
 17 : 429-435 pour une revue) au cours duquel des peptides antigéniques de très courtes
 tailles (environ 7-13 acides aminés) sont produits par dégradation d'un polypeptide plus
 complexe contre lequel la réaction immune finale sera dirigée. Ces courts peptides sont
 ensuite associés aux molécules du CMHI ou du CMHII pour former un complexe
 10 protéique qui est transporté à la surface cellulaire afin de présenter lesdits peptides aux
 lymphocytes T cytotoxiques circulants ou aux lymphocytes T helper circulants,
 respectivement. Il convient en outre de noter que la spécificité des molécules CMH I ou
 CMH II vis-à-vis des peptides antigéniques varie en fonction des molécules CMH I ou
 CMH II (exemple pour le CMHI : HLA-A, HLA-B, ...) et de l'allèle (exemple pour le
 15 CMH I : HLA-A2, HLA-A3, HLA-A11) considérés. Au sein d'une même espèce
 animale, d'un individu à l'autre, il existe une grande variabilité des gènes codant pour les
 molécules du système CMH (à ce sujet, voir notamment George et al., 1995, Immunology
 Today 16 : 209-212).

Selon un mode de réalisation particulier, les cellules, telles que les cellules
 20 dendritiques, les macrophages, les astrocytes, les lymphocytes T CD4+, les lymphocytes
 T CD8+, sont modifiées de manière à exprimer à leur surface des anticorps spécifiques
 du peptide ciblé. Le peptide est neutralisé par les anticorps exprimés à la surface des
 cellules. Ces cellules sont de préférence immunes, de préférence du patient, de
 préférence cytotoxiques, modifiées pour exprimer tout ou partie d'un anticorps
 25 spécifique du polypeptide cible.

Isolement de cellules mononuclées à partir de sang périphérique :

En 1968, Boyum décrit une technique rapide qui permet par
 centrifugation du sang sur gradient de densité, de séparer les cellules mononuclées
 (lymphocytes et monocytes) avec un bon rendement (rendement théorique 50%, c'est-à-
 30 dire 10^6 cellules /ml de sang). 50 ml de sang périphérique prélevés stérilement dans des
 tubes héparinés sont centrifugés 20 minutes à 150g à 20°C. Les cellules récupérées sont

diluées dans deux volumes de sang périphérique initial de PBS stérile. 10 ml de cette suspension sont déposés sur 3ml d'une solution de ficoll-Hypaque (milieu de séparation des lymphocytes, Flow). Après centrifugation pendant 20 minutes à 400g et 20°C sans freinage de décélération, les cellules mononuclées sédimentent à l'interface PBS-Ficoll, en une couche dense, opalescente, alors que la quasi-totalité des globules rouges et des polynucléaires sédimentent au fond du tube. Les cellules mononuclées sont récupérées et lavées en PBS stérile.

Internalisation des antigènes par les cellules présentatrices de l'antigène :

Traitement préalable des cellules présentatrices de l'antigène : les cellules présentatrices de l'antigène sont préalablement lavées avec un tampon PBS-BSA à 0.5% (p/v) puis énumérées puis elle sont préincubées en présence de différents inhibiteurs de réduction trois fois en PBS-BSA 0.5% contenant de 10 μ M à 10 mM final de DTNB (acide 5,5'-dithio-bis-2-nitrobenzoïque) ou de NEM (N-éthylmaléimide). Les étapes ultérieures de fixation d'antigènes à la surface cellulaire ou d'internalisation d'antigènes se réalisent aussi en présence des différentes concentrations d'inhibiteurs.

Protocole d'internalisation des antigènes par les cellules présentatrices de l'antigène :

8.10⁶ cellules sont internalisés en présence de quantité saturante de protéines radiomarquées à l'iode 125 (1 μ g) dans des micropuits dans 70 μ l. Après une heure d'incubation à 4°C sous agitation, les antigènes sont fixés à la surface des cellules. La suspension cellulaire est lavée deux fois en PBS-BSA et les culots cellulaires sont repris dans 70 μ l de tampon et incubées à 37°C pendant différentes périodes allant jusqu'à 2 heures. Cellules et surnageants sont séparés par centrifugation à 800g pendant 5 minutes 4°C. Pour des plus longues périodes d'incubation, l'étape préliminaire de pré-fixation des antigènes à la surface des cellules est supprimée. Les cellules sont diluées dans un milieu RPMI-10% SVF en présence de 20 mM Hépès, à 10⁶cellules /ml. Les cellules sont incubées en présence d'un excès d'antigène pendant différentes périodes à 37°C (1 μ g de molécules /5.10⁷ cellules monocytes/macrophages ou /10⁸ cellules B-EBV).

Tous les agents thérapeutiques définis dans le cadre de la présente invention sont utilisés pour prévenir et/ou traiter une maladie dégénérative et/ou

neurologique et/ou auto-immune, telle que la sclérose en plaques, seuls ou en combinaison. Ils peuvent être utilisés également pour évaluer leur efficacité *in vitro* ou *in vivo*.

Administration chez l'homme des agents thérapeutiques désignés ci-dessus :

Le matériel biologique selon l'invention peut être administré *in vivo* notamment sous forme injectable. On peut également envisager une injection par voie épidermique, intraveineuse, intra-artérielle, intramusculaire, intracérébrale par seringue ou tout autre moyen équivalent. Selon un autre mode de réalisation par administration orale ou tout autre moyen parfaitement connu de l'homme de l'art et applicable à la présente invention. L'administration peut avoir lieu en dose unique ou répétée, une ou plusieurs fois après un certain délai d'intervalle. La voie d'administration et le dosage les mieux appropriés varient en fonction de différents paramètres tels que par exemple l'individu ou la maladie à traiter, du stade et/ou de l'évolution de la maladie, ou encore de l'acide nucléique et/ou de la protéine et/ou peptide et/ou molécule et/ou cellule à transférer ou de l'organe/tissus cible.

Pour la mise en œuvre du traitement du mammifère mentionné dans la présente invention, il est possible de disposer de compositions pharmaceutiques comprenant un matériel biologique tel que précédemment décrit, avantageusement associé avec un véhicule pharmaceutiquement acceptable pour l'administration à l'homme ou à l'animal. L'utilisation de tels supports est décrite dans la littérature (voir par exemple Remington's Pharmaceutical Sciences 16th ed. 1980, Mack Publishing Co). Ce véhicule pharmaceutiquement acceptable est préférentiellement isotonique, hypotonique ou présente une faible hypertonicité et a une force ionique relativement basse, tel que par exemple une solution de sucre. Par ailleurs, ladite composition peut contenir des solvants, des véhicules aqueux ou partiellement aqueux tels que de l'eau stérile, libre d'agents pyrogène et des milieux de dispersion par exemple. Le pH de ces compositions pharmaceutiques est convenablement ajusté et tamponné selon les techniques conventionnelles.

30

Exemple 1 : Recueil et pool d'urines.

Des échantillons d'urine de volumes différents ont été prélevés à partir d'individus sains (SEP négatifs) n'ayant a priori aucune maladie neurologique ou auto-immune. L'activité toxique de chaque prélèvement vis à vis de cellules astrocytaires murines a été testée *in vitro* en utilisant le test MTT. Au total un pool de 20 litres d'urine a été constitué (pool SEP négatif). Parallèlement, des échantillons d'urine de volumes différents ont été prélevés à partir d'individus atteints de sclérose en plaques (SEP positifs) à différents stade de la maladie. L'activité toxique de chaque prélèvement vis à vis de cellules astrocytaires murines a été testée *in vitro* en utilisant le test MTT. Au total un pool de 80 litres d'urine a été constitué (pool SEP positif).

Exemple 2 : Purification des protéines urinaires.

Les pools d'urine SEP positif et SEP négatif, recueillis et testés selon l'exemple 1, ont été purifiés pour obtenir une concentration en protéines élevée et éliminer au maximum les protéines de haut poids moléculaire.

Précipitation : des précipitations au sulfate d'ammonium (Prolabo - ref 21 333 365) ont été effectuées sur les pools d'urine SEP positif et SEP négatif. Le pourcentage de 60 % de sulfate d'ammonium saturé pour 40 % d'urine, soit 390 grammes de sulfate d'ammonium par litre d'urine a été utilisé. Chaque pool est réparti en fractions de 1,8 litres dans des flacons de 2 litres pour améliorer la précipitation. La précipitation a été effectuée durant 2 x 8 heures, à température ambiante, sous agitation douce. Après centrifugation des pools d'urine à 3 000 tpm pendant 10 min., à une température de 10°C, le culot obtenu est repris dans un tampon Tris 20 mM contenant du CaCl_2 1 mM et de l'urée à 0,25 M. Le mélange a ensuite été centrifugé à 3 000 tpm pendant 10 min. Le surnageant contient les protéines concentrées. Il est soit utilisé immédiatement pour l'étape suivante, soit congelé si l'étape suivante ne peut être effectuée en continu.

Chromatographie par échange d'ions : la solution contenant les protéines a ensuite été passée sur un gel DEAE fast Flow (commercialisé par PHARMACIA). Cette étape est effectuée à basse pression sur une colonne PHARMACIA remplie de gel. Les tampons sont amenés sur la colonne par une pompe péristaltique qui permet un débit régulier. Le tampon d'équilibration de la colonne est le tampon Tris 20 mM, pH 7. La

fraction correspondant au surnageant de précipitation et contenant une quantité de sels trop élevée est dialysée contre ce tampon avant dépôt sur la colonne. Une élution par un gradient salin permet de récupérer les protéines. Le gradient d'élution est effectué par palier de NaCl 100, 200, 300, 500 mM dans le tampon d'équilibration de la colonne. Les fractions d'élution sont testées par le test MTT et ne seront conservées que les fractions positives, soit la fraction éluee à 200 mM NaCl. Ces fractions pourront être traitées immédiatement ou conservées à l'état lyophilisé.

Purification : Une chromatographie d'exclusion stérique basée sur la différence de taille et de forme des protéines à éluer a été utilisée. La fraction correspondant à l'élution 200 mM NaCl est déposée sur la colonne. Au cours de l'élution, les protéines de faible masse moléculaire sont retenues et donc éluées plus tardivement que les grosses molécules. Les purifications ont été effectuées sur HPLC avec une colonne TosoHaas TSK Prep G 3000 SW, d'un diamètre de 21,5 mm et d'une longueur de 300 mm, la limite d'exclusion en masse moléculaire est de 500 000 daltons. Le tampon d'élution utilisé contient du phosphate 100 mM, du sulfate de sodium 100 mM, à pH 6,8. La séparation du mélange de protéines a été effectuée en 60 min. Seule la fraction correspondant à une masse de 15-20 000 daltons a été conservée. Cette fraction est dialysée dans un tampon Tris 20 mM contenant du CaCl_2 0,2 mM, pH 7,2, puis lyophilisée.

A chaque étape, seules les fractions présentant une activité toxique significative ont été retenues pour l'étape suivante. Un contrôle de l'activité toxique des protéines a été effectué à chaque étape, à l'aide du test MTT. Seules les fractions présentant une activité toxique significative ont été retenues pour l'étape de purification supplémentaire décrite dans l'exemple 3.

25

Exemple 3 : Purification supplémentaire des protéines urinaires par chromatographie phase inverse.

Des pools d'urine provenant de patients SEP (pool SEP positif) et de patients non SEP (pool SEP négatif), obtenus après purification selon l'exemple 2, ont été repris dans de l'eau distillée, puis dilués avec une solution 0,2% TFA/10% acétonitrile pour obtenir une concentration finale d'environ 130 à 140 µg/ml.

La séparation par HPLC phase inverse C8 a été effectuée sur une colonne Brownlee Aquapore (nom commercial) commercialisée par la société Perkin Elmer (caractéristiques de la colonne : 300 angstroms/7 μ m/(100x4,6) mm). Deux colonnes distinctes ont été utilisées respectivement pour les pools positif et négatif. Les injections
 5 ont été réalisées par multi-injections de 250 μ l. Les protéines ont été éluées avec un gradient linéaire de 5% à 15% de tampon B en 5 min., puis de 15% à 100% de tampon B en 95 min., à un débit de 0,5 ml/min. Les tampons de séparation A et B utilisés sont respectivement le tampon 0,1% TFA (Pierce n° 28904)/ eau MilliQ et le
 10 tampon 0,09% TFA/80% acétonitrile (Baker). La détection a été effectuée par mesure de l'absorbance UV à 205 et 280 nm. La collecte des fractions a été effectuée en fractions de 1,5 ml et de 0,5-1 ml dans la zone d'intérêt. Les fractions ont été congelées après la collecte dans de la carboglace.

Les fractions collectées ont ensuite été séchées en speed vac et reprises dans 100 μ l de 0,1% TFA/30% acétonitrile. 20 μ l des fractions ont été transférés dans
 15 des eppendorfs de 500 μ l, séchés et lavés à deux reprises avec 100 μ l d'eau MilliQ, puis séchés de nouveau.

L'activité toxique des protéines contenues dans chaque fraction recueillie après élution a été déterminée à l'aide du test MTT. Seule la fraction 21 présentant une activité toxique significative a été retenue. Le numéro de cette fraction correspond à
 20 l'ordre de l'élution en fonction des conditions d'élution énoncée dans cet exemple.

Exemple 4: Analyse des protéines obtenues par séparation sur HPLC sur gel SDS-TRICINE.

Le pool de collecte de la fraction 21 obtenue par HPLC, comme décrit
 25 dans l'exemple 3, et provenant de 20 injections du pool SEP positif, a été déposé sur un gel SDS-TRICINE 16% précoulé de 10 puits et de 1 mm d'épaisseur (commercialisé par la société Novex). Les conditions d'utilisation du gel correspondent à celles préconisées par le fournisseur. L'échantillon est repris dans 75 μ l du tampon d'échantillon 1 fois concentré (SDS-TRICINE N° LC 1676, 1 ml deux fois concentré +
 30 50 μ l de β -mercaptoéthanol (Pierce) dilué au 1/2 dans de l'eau) et 25 μ l de l'échantillon sont déposés sur le gel en trois fois. Le pool de collecte de la fraction 21 provenant de 6

injections du pool SEP négatif a été déposé sur le gel dans les mêmes conditions que celles décrites pour le pool SEP positif. La migration sur les deux gels a été effectuée en parallèle dans la même cuve de migration (XCELL II NOVEX (nom commercial)) à un voltage constant de 125 mV pendant 2 heures. La cuve est placée dans un bac contenant
 5 de la glace. Les gels ont été colorés directement après la migration par coloration au zinc/imidazole (kit de coloration 161-0440 commercialisé par la société BIORAD) pour obtenir une coloration négative réversible. Les bandes de protéines sont translucides sur fond opaque.

10 Exemple 5 : Digestion à la trypsine des bandes de gel.

Toutes les bandes de protéines visualisées dans les dépôts de la fraction 21 ont été découpées et soumises à une protéolyse par la trypsine.

Les bandes de gels sont découpées au scalpel en tranches de 1 mm et transférées dans des tubes eppendorfs. Les eppendorfs sont soumis à un pic de
 15 centrifugation pour faire tomber les morceaux de gel et après centrifugation 100 µl de tampon de lavage (100 mM NH_4CO_3 /50% CH_3CN) sont ajoutés aux morceaux de gel. Après 30 min. d'agitation à température ambiante, le surnageant est enlevé par fractions de 20 µl et l'étape de lavage est renouvelée deux fois. Les eppendorfs sont séchés pendant 5 min. en speed vac. 20 µg de trypsine (Modified sequenal grade PROMEGA
 20 V5111) sont repris dans 200 µl de tampon de digestion (5 mM TRIS, pH 8) et sont dissous pendant 30 min. à température ambiante, sous agitation intermittente et 20 à 30 µl de trypsine resuspendue sont ajoutés aux morceaux de gel. Les eppendorfs sont centrifugés et conservés en chambre chaude à 28°C pendant une nuit. Après digestion les bandes de gel peuvent être utilisées immédiatement pour les mesures de masse ou
 25 congelées pour usage ultérieur.

Exemple 6 : Digestion chimique au CNBR des bandes de gel.

Dans l'éventualité d'une protéine résistante aux clivages enzymatiques, en particulier à l'action de la trypsine comme décrit dans l'exemple 5, les bandes entre
 30 16kD et 20kD ont été traitées avec du CNBR. Les bandes de gel, déjà utilisées pour les digestions avec la trypsine, sont séchées 5 à 10 min. en speed vac.

Une solution de CNBR (FLUKA) à 200 mg/ml a été préparée dans 70 % acide formique (BAKER). 20 µl de cette solution ont été utilisées pour réhydrater les morceaux de gel. La réaction s'est faite pendant 20 h à température ambiante et à l'obscurité. Les peptides sont extraits 3 fois 30 min avec 100 µl de 0.1 % TFA / 60% Acétonitrile. Les solutions
 5 d'extraction sont réunies et concentrées à 20 µl. Ces échantillons sont dilués 5 fois dans 0,1 % TFA/eau. Les conditions de séparation sont celles décrites pour les peptides de la digestion avec la trypsine.

Exemple 7 : Analyse par spectrométrie MALDI-TOF.

10 30 µl de tampon d'extraction (2 % TFA/50 % acétonitrile) sont ajoutés aux échantillons. Les éppendorfs à analyser sont soumis à une centrifugation de 5 min., puis à une sonication de 5 min. et finalement à une centrifugation de 1 min.

Sur un disque en acier inoxydable, 14 dépôts de 0,5 µl de matrice (acide α-cyano-4-hydroxy-trans-cinnamique à saturation dans de l'acétone) sont réalisés. Une fine couche
 15 microcristalline uniforme est obtenue. 0,5 µl d'une solution de 2 % TFA/eau sont déposés sur cette sous-couche sur les 14 dépôts, puis 0,5 µl d'échantillon à analyser sont ajoutés. Dans cette goutte ainsi formée, 0,5 µl d'une solution à saturation d'acide d'acide α-cyano-4-hydroxy-trans-cinnamique dans 50 % acétonitrile/eau sont ajoutés. Après un séchage à température ambiante pendant 30 min., les dépôts cristallins sont
 20 lavés avec 2 µl d'eau qui sont immédiatement évacués par un souffle d'air. Tous les spectres sont obtenus sur un spectromètre de masse BRUKER BIFLEX (marque de commerce) équipé d'un réflectron. Les mesures (90 à 120 tirs laser sur l'ensemble du dépôt) sont accumulées pour obtenir un spectre de masse qui soit le plus représentatif de l'ensemble des peptides présents dans le sandwich matrice-échantillon. Pour chaque
 25 dépôt, une calibration avec les peptides de l'autolyse de la trypsine a été faite afin de pouvoir utiliser une précision de mesure inférieure à 100 ppm.

Les recherches dans les banques de données ont été exécutées dans MS-FIT PROTEINPROSPECTOR (<http://prospector.ucsf.edu>). Les paramètres communs, utilisés dans ces recherches, sont (1) base de données : NCBIInr, (2) une tolérance de
 30 100-50 ppm, (3) les cystéines ne sont pas modifiées, (4) les méthionines peuvent être

oxydées, (5) gamme de poids moléculaire : 1000-100000 Da, (6) jusqu'à 3 sites de coupure peuvent être ignorés.

Exemple 8 : Séquençage N-terminal des peptides de digestion.

5 (i) Extraction et séparation par HPLC des peptides de digestion.

Après les mesures de masse sur la totalité de la digestion, le reste des peptides est extrait en 3 fois 30 min. dans un bain de sonication avec 0,1 % TFA/60 % acétonitrile. Les solutions d'extraction sont réunies et séchées jusqu'à 20 µl en speed vac. Après dilution dans 80 µl de tampon A (0,1 % TFA/eau), les extractions des bandes de gel, digérées
 10 avec de la trypsine, sont injectées sur une colonne C18/MZ-Vydac/(125x1,6)mm/5 µm. L'élution des peptides se fait à un débit de 150 µl/min. et dans un gradient allant de 5 % de tampon B (0,09 % TFA/80 % acétonitrile) à 40 % de tampon B en 40 min., puis de 40 % de tampon B à 100 % de tampon B en 10 min. La détection est faite par mesure de l'absorbance UV à 205 nm. La collecte des pics est effectuée dans des tubes
 15 eppendorf de 500 µl. Les fractions sont conservées sur la glace et pour la bande de 18-20 kD du pool 21 SEP positif analysées par spectrométrie de masse MALDI-TOF.

(ii) Séquençage N-terminal.

Les fractions ne correspondant qu'à un seul pic de masse ont été analysées par dégradation d'Edman sur un séquenceur (Modèle 477A PERKIN ELMER/Applied
 20 Biosystems). Les conditions de séquençage sont celles décrites par le constructeur. Une micro cartouche a été utilisée pour le dépôt des échantillons et les PTH-AminoAcid sont identifiés avec un système HPLC online (Modèle 120A PERKIN ELMER/Applied Biosystems).

Le dépôt de la fraction à séquencer s'est fait en plusieurs dépôts de 15 µl
 25 avec des séchages intermédiaires. Le tube ayant contenu le peptide est lavé avec 15 µl d'acide formique 85 % (BAKER). Les séquences d'acides aminés correspondent toujours aux masses mesurées. Les peptides, dont les masses ne correspondent pas à la protéine principale identifiée, ont été séquencés en priorité. De cette manière, il a été possible d'identifier jusqu'à trois protéines dans une bande de gel.

30

Exemple 9 : Résultats et discussion.

Après HPLC inverse du pool témoin SEP négatif et du pool SEP positif, l'activité toxique de chaque fraction d'élution a été déterminée en utilisant le test MTT. Seule la fraction 21 du pool SEP positif présente une activité toxique *in vitro*. La fraction 21 du pool témoin SEP négatif ne présente aucune activité toxique. L'activité
 5 toxique de la fraction 21 du pool SEP positif a été confirmée *in vitro* par FACS, comme décrit dans la demande de brevet WO 98/11439 sur des cellules astrocytaires murines.

Le contenu protéique de la fraction 21 du pool témoin SEP négatif et du pool SEP positif a été observé après séparation sur gel SDS-TRICINE 16% et coloration du gel au zinc/imidazole. Des protéines de poids moléculaires apparents
 10 élevés ont été trouvées dans les deux fractions. Par contre cinq bandes différentes et de poids moléculaires apparents faibles ne sont visibles que dans la fraction 21 du pool SEP positif (bandes 8, 14, 18 et 20 kD). A chaque bande correspond au moins une protéine et des variants desdites protéines qui ont un poids moléculaire apparent proche de celui de la protéine native. Ces séquences variantes présentent un pourcentage d'homologie
 15 ou d'identité avec les séquences natives d'au moins 70%, de préférence d'au moins 80% et avantageusement d'au moins 98 %.

Les protéines d'intérêt de la fraction 21 du pool SEP positif ont ensuite été analysées par spectrométrie de masse et/ou séquençage et recherche d'homologie dans les banques de données. Les résultats montrent la présence de cinq bandes de protéines
 20 migrant entre 22 et 5 kD dans la fraction 21 du pool SEP positif et des variants desdites protéines.

Ces protéines sont le fragment C-terminal du Perlecan, qui commence à l'acide aminé 3464 et se termine à l'acide aminé 3707 de la séquence protéique complète, identifiée dans l'identificateur de séquences SEQ ID N° 2, le précurseur de la
 25 protéine plasmatique de liaison au rétinol dont la séquence est donnée en SEQ ID N° 4, le précurseur de l'activateur du ganglioside GM2 identifié en SEQ ID N° 8, la calgranuline B identifiée en SEQ ID N° 17 et la saposine B représentée en SEQ ID N° 24. Comme décrit ci dessus des homologues ou variants desdites protéines ont également été identifiés par séquençage. Ces séquences protéiques homologues ou
 30 variantes sont le produit de mutations au niveau des gènes codant pour lesdites protéines. A titre d'exemple, la SEQ ID N° 9 présente 99 % d'homologie ou d'identité

avec la SEQ ID N° 8 du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2 et le fragment de SEQ ID N° 9 qui commence à l'acide aminé 34 et se termine à l'acide aminé 202 présente 98,88 % d'homologie ou d'identité avec le fragment correspondant de la protéine native identifiée en SEQ ID N° 8.

5

Exemple 10 : Mise en évidence des protéines dans un échantillon urinaire.

Des échantillons d'urine provenant d'un individu SEP négatif et d'un patient SEP positif ont été prélevés. Ces échantillons d'urine ont été purifiés selon le protocole décrit précédemment. Les fractions d'élution finales 21 ont été analysées
10 séparément par spectrométrie de masse. Le profil de masse de chaque fraction correspondant à chaque échantillon d'urine a été comparé au profil de masse obtenu pour les protéines identifiées dans les exemples précédents. Les résultats montrent que pour l'échantillon d'urine provenant du patient SEP positif les masses correspondent aux molécules (i) fragment C-terminal du Perlecan, (ii) précurseur de la protéine
15 activatrice du ganglioside GM2, (iii) calgranuline B et (iv) saposine B identifiées précédemment. Par contre aucune de ces masses n'a été identifiée dans le profil de masse obtenu après analyse de l'échantillon d'urine provenant de l'individu SEP négatif. Le procédé décrit est utilisable comme essai de diagnostic.

20

Exemple 11 : Essai en Western Blot.

Des Western Blot ont été réalisés sur différentes fractions d'urine brute ou purifiée comme décrit dans l'exemple 2. Des échantillons d'urine provenant d'individus sains et de patients atteints de sclérose en plaques sont testés en parallèle. Les échantillons sont déposés sur un gel d'électrophorèse permettant de séparer les
25 différentes protéines en fonction de leur masse moléculaire sous l'action d'un champ électrique. Les Western Blot sont réalisés après transfert des protéines du gel sur une membrane. Pour révéler les protéines transférées, la membrane est saturée en tampon de saturation, puis incubée avec un anticorps directement marqué à la phosphatase alcaline. L'anticorps utilisé est un anticorps anti-calgranuline (anticorps monoclonal de souris, clone CF 145 sous-type IgG 2b commercialisé par la société Valbiotech : référence
30 MAS 696p lot PC96G696). Le substrat de l'enzyme est le dichlorure de 3,3'-(1,1'-

biphényl)4,4'diazonium et 2-naphtaleny phosphate de sodium (commercialisé sous la dénomination β Naphtyl acid phosphate Sigma ref N7375 et δ dianisine Tetrazotized D3502) est ajouté pour la révélation des bandes et la visualisation des protéines liées à l'anticorps. Une molécule de masse moléculaire apparente d'environ 14 000 est révélée
 5 dans les urines purifiées de patients atteints de SEP, avec un signal relativement intense. Cette protéine correspond à la calgranuline B (masse moléculaire apparente : 14 kD). Par contre, aucun signal n'est observé à partir d'urine d'individus sains. Cette observation confirme la présence de cette protéine spécifiquement dans les urines de patients atteints de SEP et la mise en œuvre d'un procédé de détection utilisant un
 10 anticorps reconnaissant la protéine.

Exemple 12 : Production d'anticorps monoclonaux.

La production d'anticorps monoclonaux par ascite impose une compatibilité du système H-2 entre l'hybridome et la souris productrice. 20 souris
 15 femelles Balb/c, âgées de 6 semaines, subissent une injection de 0.5ml de Pristane (2-6-10-14 acide tétraméthylpentadécane) dans leur cavité péritonéale, pour la production d'ascite (Porter et al., 1972). Une semaine à 10 jours plus tard, $5 \cdot 10^6$ à $10 \cdot 10^6$ hybridomes dilués dans 0.5ml de tampon stérile NaCl 0.145M, Na_2HPO_4 10 mM, KCL 2.7 mM, KH_2PO_4 1.5 mM à pH 7.4. sont injectés par voie intrapéritonéale. L'ascite
 20 apparaît une à deux semaines plus tard. Les liquides d'ascites présents dans la cavité péritonéale sont alors recueillis avec une seringue après incision du péritoine. Le liquide recueilli est centrifugé à 3000g pendant 15 minutes à température ambiante, filtré sur gaze pour éliminer le gras, puis tamponné en ajoutant $1/20^{\text{ème}}$ de son volume de tris-HCL 1M à pH 8.0. Cette méthode permet d'obtenir des quantités d'anticorps 10 fois
 25 supérieures à celles obtenues par culture d'hybridomes.

Les immunoglobulines présentes dans le liquide d'ascite sont relarguées par les sels (sulfate d'ammonium ou sulfate de sodium). Le liquide d'ascite est précipité par le sulfate d'ammonium 40%. Après 20 minutes au froid la solution est centrifugée 15 minutes 8000g à 4°C. Le précipité est lavé et resuspendu à froid dans une solution de
 30 sulfate d'ammonium 40% puis de nouveau centrifugé. Le nouveau précipité enrichi en IgG est remis en solution dans du tampon PBS et dialysé la nuit contre le tampon Tris-

HCl 25 mM, NaCl 150 mM pH 7.4. Parallèlement une colonne d'agarose-Protéine A (ou protéine G) (commercialisée sous forme lyophilisée, Pierce) est lavée extensivement avec le tampon Tris-HCl 25 mM, NaCl 150mM pH7.4. La solution enrichie en IgG est déposée sur la colonne puis la colonne est lavée. Les IgG retenues par la colonne sont
 5 éluées à pH acide (glycine 200 mM pH 2.8). Les fractions éluées sont neutralisées avec un volume de Tris-Base 1M pH 10.5. Le contenu en immunoglobulines de chaque fraction recueillie est quantifiée par lecture d'absorbance à 280 nm (ϵ 1%, 1cm = 14.0 Prahl et Porter 1968). Les fractions riches sont poolées. Le degré de purification des IgGs poolées est analysé par électrophorèse en gel d'acrylamide en présence de SDS.
 10 Les IgGs purifiées sont dialysées une nuit contre le tampon Tris-HCl 25 mM, NaCl 150mM pH7.4, filtrées stérilement, aliquotées et conservées à -20°C. leur concentration finale est déterminée par lecture de l'absorbance à 280 nm ou par dosage micro-BCA. Les peptides immunogènes référencés SEQ ID N° 58, SEQ ID N° 54, SEQ ID N° 55, SEQ ID N° 56, SEQ ID N° 57, SEQ ID N° 58, SEQ ID N° 59 et SEQ ID N° 65 ont
 15 été utilisés pour la production d'anticorps monoclonaux, selon le protocole décrit ci dessus.

Mais, il est à la portée de l'homme du métier de définir d'autres protocoles pour la production d'anticorps monoclonaux, par exemple à partir des techniques décrites par Köhler et Milstein et par Galfre G. *et al.* précédemment cités ou des
 20 techniques dérivées de celles ci.

Exemple 13 : Mesure de l'activité des cellules T par prolifération des cellules T (Sredni et al., 1981).

Les cellules T sont lavées deux fois en milieu de culture pour éliminer toute
 25 trace d'IL2 présente dans le milieu initial de culture. Des lymphocytes B (EBV-LCL) ou des monocytes/macrophages pris comme cellules présentatrices de l'antigène, sont irradiées à 10000 rads, lavées deux fois avec du milieu de culture (RPMI). $2 \cdot 10^4$ cellules T ($2 \cdot 10^5$ cellules /ml) et $2 \cdot 10^4$ cellules B autologues irradiées ($2 \cdot 10^5$ cellules /ml) sont incubées ensemble en présence d'une gamme de concentration croissante de l'antigène
 30 sous un volume final de 200 μ l dans des micropuits. Après 48 heures de culture à 37°C, 1 μ Ci de 3 H- thymidine dans 50 μ l de milieu RPMI est ajouté dans chaque puits. Les

cellules T, seules à se diviser, incorporent la thymidine tritiée dans l'ADN. Après 18 heures de culture, les cellules de chaque micropuits sont récoltées sur des pastilles de laine de verre par aspiration. Après lyse osmotique des cellules, la radioactivité incorporée dans l'ADN est absorbée sur les pastilles (cell Harvester 530, Inotech).
 5 Chaque pastille séchée est placée dans un tube plastique qui contient 2 ml de scintillant ; la radioactivité adsorbée sur chacune des pastilles est quantifiée dans un compteur beta à scintillation liquide (LKB Rackbeta 1217). Les résultats sont exprimés comme moyenne arithmétique de cpm /culture ('coups par minute').

10 Exemple 14 : Protocole de détection de l'association entre les peptides et les molécules d'histocompatibilité (approche APC transformées avec un peptide se fixant au CMH I).

1) Matériel :

Les sources de molécules d'histocompatibilité sont actuellement de deux
 15 types principaux : les cellules mutantes et les molécules d'histocompatibilité purifiées.

La cellule mutante utilisée est la cellule humaine T2 qui est un variant de la lignée T1 produite par fusion du lymphome T CEM et du lymphome B 721.174 (Salter and Cresswell Embo J 1986, 5: 943-949). Cette cellule qui est dépourvue de transporteurs de peptides contient des chaînes lourdes de molécules de classe I libres de
 20 peptides qui vont pouvoir accepter de peptides exogènes.

Des molécules d'histocompatibilité de classe I purifiées par chromatographie d'affinité à partir de lignées de cellules B humaines transformées par l'EBV peuvent être également utilisées. Dans ce cas les peptides endogènes doivent être éliminés par un traitement avec de l'urée 1.5 M et de la soude 12.5 mM (pH 11.7)
 25 pendant 1 heure à 4°C, suivi de leur élimination par une colonne de désalage (PDLO, Pharmacia). Les molécules d'histocompatibilité sont immédiatement remises en présence des peptides à tester dans un tampon PBS avec 0.05% Tween 20, 2 mM EDTA, 0.1% NP40 et 6mM CHAPS, en présence de 2µg/ml B2m pour faciliter la réassociation (Gnjatic et al., Eur J Immunol 1995 25 : 1638-1642).

Les peptides testés ont en général 8 à 10 résidus, parfois 11 ou 12. Ils ont été synthétisés par Néosystems (Strasbourg), ou par Chiron mimotopes (Victoria, Australie). Ils sont utilisés à des concentrations variant de 100 μ M à 0.1 nM.

2) Protocole de l'assemblage (Connan et al., Eur J Immunol 1994, 24 : 777 ; Couillin et al. Eur J Immunol 1995, 25 : 728-732).

Des aliquotes de 8.105 cellules dans un volume de 64 μ l, répartis dans des tubes microfuge Eppendorf, sont mis en présence d'un tampon de lyse contenant 10 mM PBS, pH 7.5 1% NP40, des inhibiteurs de protéases (1 mM PMSF, 100 μ M iodoacétamide, 2 μ g /ml aprotinine, 10 μ M leupeptine, 10 μ M pepstatine et 10 μ g/ml inhibiteur de trypsine). La lyse se fait en présence des peptides à tester pendant 30 minutes ou 1 heure à 37°C. Après élimination du matériel non solubilisé par une centrifugation à 15 000 tours /minute à 4°C, le surnageant est additionné de 140 μ l de PBS contenant 0.05% de Tween 20, 3 mM d'azide de sodium, 1 mM PMSF et 10 mg /ml d'albumine bovine. Chaque échantillon est incubé pendant 20 heures à 4°C dans 2 puits d'une plaque à microtitration de type Nunc,Maxisorb, préalablement recouverts d'un anticorps monoclonal (10 μ g /ml en PBS) qui reconnaît les molécules d'histocompatibilité ayant une(des) conformation(s) conforme(s) pour la présentation de peptides et semblable(s) à celle(s) présente(s) à la surface des cellules. La plaque recouverte d'anticorps est préalablement saturée par de l'albumine bovine à 10 mg /ml dans du PBS-Tween avant la mise de l'échantillon. Le second anticorps qui permet la détection de l'assemblage des molécules d'histocompatibilité est dirigé contre la B2m. Il est couplé soit à la biotine (NHS-LC biotin, Pierce) soit à la phosphatase alcaline (P-552, Sigma) et est incubé à 2 μ g /ml pendant une heure à 37°C. Dans le cas de l'emploi de la biotine, une incubation de 45 minutes à 20-25°C avec de la streptavidine couplée à la phosphatase alcaline (E-2636, Sigma) est réalisée. L'activité de la phosphatase alcaline est mesurée en utilisant comme substrat le 4-méthyl-umbelliféryl-phosphate (M-8883, Sigma) à 100 μ M dans de la diéthanoline 50 mM, pH 9.5 avec du MgCl2 1 mM. La lecture est faite à 340/460 nm à l'aide d'un cytofluorimètre.

3) Stabilité des complexes HLA/peptides :

La stabilité des complexes précités a été étudiée car elle conditionne la bonne présentation de l'antigène et l'induction de la réponse T. A cet effet, on a utilisé

soit du HLA purifié, soit le lysat de la cellule T2. Avec le HLA purifié, on a éliminé les peptides endogènes (comme décrit en 2)) puis on l'a mis en présence du peptide à tester en tube Eppendorf à 37°C, pendant des temps variables de quelques minutes à plusieurs jours. La phase suivante d'incubation sur plaque de 96 puits (comme décrit en 2) avec l'anticorps anti-HLA se fait pendant une heure à 37°C. La révélation est effectuée de manière classique. Avec le lysat de la cellule T2, toutes les incubations sont également faites à 37°C, après ajout de tous les inhibiteurs de protéases.

Exemple 15 : Technique d'immunohistologie.

Les coupes histologique préparées en paraffine sont déparaffinées en xylène et alcool avant de subir un prétraitement qui a pour but de démasquer les antigènes ; ce prétraitement peut correspondre à (i) deux fois 5 minutes sous micro-onde (750W) en présence d'un tampon citrate de sodium, acide citrique, (ii) un traitement à l'acide par incubation 15 minutes dans une solution d'acide périodique 1% ou par incubation 5 minutes dans une solution d'acide formique 99%. Les peroxydases endogènes sont ensuite bloquées par incubation des lames 30 minutes en eau oxygénée 1% puis lavage extensif en eau pendant 15 minutes. Le bruit de fond est bloqué en incubant les lames 30 minutes en présence de PBS Triton 0.03%, 10% serum Donkey (pour les anticorps polyclonaux) ou 10% serum Goat (pour les anticorps monoclonaux). Un marquage avec l'anticorps primaire est réalisé en appliquant 100 à 200 µl de solution d'anticorps primaire par lame (0.5 à 5 µg /ml selon le titre) dans du PBS Triton 0.03% puis en incubant 2 heures à température ambiante. Les lames sont ensuite rincées 3 fois en PBS-Triton pendant 10 minutes. Un marquage anticorps secondaire est réalisé en utilisant des anticorps biotinylés capables de se fixer spécifiquement aux anticorps primaires, par exemples des anti-IgG de lapin ou anti-IgG de souris dilués dans du PBS-Triton 0.03%. les lames sont lavées et incubées dans une solution pendant 2 heures (2 µl complexe streptavidine-biotine-peroxydes, 1600 µl PBS-Triton 0.03%). Les lames sont de nouveau lavées avant d'être révélées à l'abri de la lumière dans le tampon A puis rincées à l'eau avant observation microscopique. Tampon A pour 5 lames : 25 ml Tris 0.05M pH 7.6, 2.5 ml Imidazole 1M, 15 ml eau stérile, 2 ml DAB 5 mg /ml, 5 ml Nickel d'ammonium 10%, 30 µl H₂O₂ 1%.

LISTE DE SEQUENCES

SEQ ID N° 1 : séquence complète du Perlecan:>gij1730508|sp|P98160|PGBM_HUMAN BASEMENT
MEMBRANE-SPECIFIC HEPARAN SULFATE

5 PROTEOGLYCAN CORE PROTEIN PRECURSOR (HSPG) (PERLECAN) (PLC)
MGWRAPGALLLALLLHGRLLAVTHGLRAYDGLSLPEDIETVTASQMRWTHSYLSDDDEMLADS
ISGDDLGSGLDGSDFQMVYFRALVNFTRISIEYSPQLEDAGSREFREVSEA VVDTLSESEYLKIPG
DQVVSVVFIKELDGWVVELDVGSEGNADGAQIQEMLLRVISSGSVASVYVTSPPQGFQFRRLGTV
PQFPRACTEAEFACHSYNECVALEYRCDRRPDCRDMSELNCEEPVLGISPTFSLLVETTSPPRP

10 ETTIMRQPPVTHAPQPLPGSVRPLPCGPQEAACRNHGHCIPRDYLCDGQEDCEDGSDCLDCGPPP
PCEPNEFPCCNGHCALKLWRCDFDCEDRDTEANCPTRKPEEVCGPQFRCVSTNMCIPASFH
CDEESDCPDRSDEFGCMPQVVTTPRESIQASRGQTVTFTCVATGVPAPFLINWRLNWDGHIPSQPR
VTVTSEGGRTLIIRDVKESDQGAYTCEAMNARGMVFGIPDGVLELVPQRAGPCPDGHFYLEHS
AACLPFCFCGITSVCQSTRFRDQIRLRFDPDDFKGVNVTMPAQPGTPPLSSTQLQIDPSLHEFQ

15 LVDLSRRFLVHDSFWALPEQFLGNKVDSYGGSLRYNVRYELARGMLEPVQRPDVVLVGAGYRL
LSRGHTPTQPGALNQRQVQFSEHWWHESGRPVQRAELLQVLQSLEAVLIQTVYNTKMASVGLS
DIAMDTTVTHATSHGRAHSVEECRCPIGYSLSCESCD AHFTRVPGGPYLGTCSGCSNGHASSC
DPVYGHCLNCQHNTGEPQCKKCKAGFFGDAMKATATSCRPCPCPYIDASRRFSDTCFLDTDGQ
ATCDACAPGYTGRRCESCAPGYEGNPIQPGGKCRPVNQEIVRCDERGSMTSGEACRCKNNVV

20 GRLCNECADRSFHLSTRNPDGCLKCFMGVSRHCTSSWSRAQLHGASEEPGHFSLTNAASTHT
TNEGIFSPTPGELGFSSFHRLLSGPYFWSLPSRFLGDKVTSYGGELRFTVTQRSQPGSTPLHGQPLV
VLQGNNIILEHHVAQEPSPGQPSTFIVPFREQA WQRPDGPATREHLLMALAGIDTLIRASYAQ
QPAESRVSGISMDVA VPEETGQDPALVEQCSCPPGYRGPSQDCDGTGYTRTPSGLYLGTCCERCS
CHGHSEACEPETGACQGCQHHTGEPCEQCQPGYYGDAQRGTPQDCQLPCPYGDPAAGQAAH

25 TCFLDTDGHPTCDACSPGHSGRHCERCAPGYGNPSQGGPCQRDSQVPGPIGCNCDPQGSVSSQ
CDAAGQCQCKAQVEGLTCSHCRPHHFLSASNPDGCLPCFCMGITQCCASSAYTRHLISTHFAP
GDFQGFALVNPQRNSRLTGEFTVEPVPEGAQLSFGNFAQLGHESFYWQLPETYQGDKVAAYGG
KLRYTLSYTAGPQGSPLSDPDVQITGNNIMLVASQPALQGPERRSYEIMFREEFWRRPDGPATR
EHLLMALADLDELLIRATFSSVPLVASISAVSLEVAQPGPSNRPRALEVEECRCPPGYIGLSCQDC

30 APGYTRTGSGLYLGHCELCENGHSDLCHPETGACSCQHNAAGEFCELCAPGYGDATAAGTP
EDCQPCACPLTNPENMFSTRCESLGAGGYRCTACEPGYTGGYCEQCGPGYVGNPSVQGGQCLP
ETNQAPLVVEVHPARSIVPQGGSHSLRCQVSGRGPHYFYWSREDGRPVPSTGQQRHQGSELHFP
VQPSDAGVYICTCRNLHRSNTSRAELLVTEAPSKPITVVEEQRSQSVRPGADVTFICTAKSKSPA
YTLVWTRLHNGKLPTRAMDFNGILTIRNVQLSDAGTYVCTGSNMFAMDQGTALPHVQATSL

35 APVYSIHPPQLTVQPGQLAEFRCSATGSPTTLEWTGGPGGQLPAKAIHGGILRLHVAPEPTDQA
QYL CRAHSSAGQQVARAVLHVHGGGGPRVQVSPERTQVHAGRTVRLYCRAAGVPSATITWRK
EGGSLPPQARSERTDIATLLIPAITTADAGFYLCVATSPAGTAQARIQVVVLSASDASQPPVKIESS
SPSVTEGQTLDLNCVVAGSAHAQVTWYRRGGSLPHHTQVHGSRLRLPQVSPADSGEYVCRVEN
GSGPKEASITVSVLHGTHSGPSYTPVPGSTRPIRIEPSSSHVAEGQTLDLNCVVPGQAHAQVTWH

40 KRGGSLPARHQTHGSLLRLHQVTPADSGEYVCHVVGTSGLPEASVLVTIEASVIPGPIPPVRJESS
STVAEGQTLDLSCVVAGQAHAQVTWYKRGGSLPARHQVRSRLYIFQASPADAGQYVCRASN
GMEASITVTGTQGANLAYPAGSTQPIRIEPSSSQVAEGQTLDLNCVVPGQSHAQVTWHKRGG
SLPVRHQTHGSLLRLYQASPADSGEYVCRVLGSSVPLEASVLVTIEAGSVPALGVTPTVRIESS
SQVAEGQTLDLNCLVAGQAHAQVTWHKRGGSLPARHQVHGSRLRLQLVTPADSGEYVCRVVG

45 SSGTQEASVLVTIQRLSGSHSQGVAYPVRIESSASLANGHTLDLNCVASQAPHTITWYKRGG
SLPSRHQIVGSRLRIPQVTPADSGEYVCHVSNAGSRETSILVTIQSGSGSHVPRVSPPIRIESSPT
VVEGQTLDLNCVVARQPQAIITWYKRGGSLPSRHQTHGSRLRLHQMSVADSGEYVCRANNID
ALEASIVSVSPSAGSPSAPGSSMPIRIESSSHVAEGETDLDLNCVVPGQAHAQVTWHKRGGSLPS
YHQTRGSRLRLHHVSPADSGEYVCRVMGSSGLEASVLVTIEASGSSAVHVPAPGGAPPIRIEPSS

50 SRVAEGQTLDLKCVVPGQAHAQVTWHKRGGNLPARHQVHGP LLRLNQVSPADSGEYSCQVTG
SSGTLEASVLVTIEPSSPGPIAPGLAQPIYIEASSHVTEGQTLDLNCVVPGQAHAQVTWYKRGG
SLPARHQTHGSRLRLHHVSPADSGEYVCRAGGPGPEQEASFTVTVPPEGSSYRLRSPVISIDPP
SSTVQQGQDASFKCLIHGDAAPISLEWKTRNQELEDNVHISPNGSIITIVGTRPSNHGTYRCVASN
AYGVAQSVVNLVSHGPPTVSVLPEGPVWVKVGKAVTLECVSAGEPRSSARWTRISSTPAKLEQR

TYGLMDSHTVLQISSAKPSDAGTYVCLAQNALGTAQKQVEVIVDTGAMAPGAPQVQAEAEELT
 VEAGHTATLRCSATGSPARTIHWSKLRSPWPQHRLEGDTLIIPRVAQQDSGQYICNATSPAGHA
 EATIILHVESPPYATTVPEHASVQAGETVQLQCLAHGTPPLTFQWSRVGSSLPGRATARNELLHF
 ERAAPEDSGRYRCRVTNKVGSAEAFQQLVQGGPSLPATSIPAGSTPTVQVTPQLETKSIGASV
 5 EFHCAVPSDRGTQLRWFKEGGQLPPGHSVQDGLRIQNLQSCQGTIYICQAHGPWGKAQASAV
 LVIQALPSVLINIRTSVQTVVVGHAVEFECLALGDPKQVTVWSKVGGLRPGIVQSGGVVRIAHV
 ELADAGQYRCTATNAAGTTQSHVLLLQALPQISMPQEVVPAGSAAVFPCIASGYPTPDISWS
 KLDGSLPPDSRLNNMLMLPSVQPPQDAGTYVCTATNRQGKVKAFHLQVPERVVPYFTQTPYS
 FLPLPTIKDAYRKFEIKITFRPDSADGMLLYNGQKRVPGSPTNLNRQPDFISFGLVGGRPFRFD
 10 AGSGMATIRHPTPLALGHFHTVTLLRSLTQGSIVGDLAPVNGTSQGKFQGLDLNEELYLGYPD
 YGAIPKAGLSSGFIGCVRELRIQGEIVFHDNLTAHGISHCPTCRDRPCQNGGQCHDSESSSYVC
 VCPAGFTGSRCEHSQALHCHPEACGPDATCVNRPDGRGYTCRCHLGRSGLRCEEVTVTPSLS
 GAGSYLALPALTNTHHELRLDVEFKPLAPDGVLLFSGGKSGPVEDFVSLAMVGGHLEFRYELGS
 GLAVLRTAEPLALGRWHRVSAERLNKDGLRVNGGRPVLRSSPGKSQGLNLHTLLYLGGVEPSV
 15 PLSPATNMSAHFRGC VGEVSVNGKRLDLTYSFLGSQGIGQC YDSSPCERQPCQH GATCMPAGEY
 EFQCLCRDGIKGDLCHEENPCQLREPCLHGGTCQGT RCLCLPGFSGPRCQ QGSGHGAESDWH
 LEGSGNDAPGQYGAYFHDDGFLAFPGHVF SRSLPEVPETIELEVRTSTASGLLLWQGVVEGEA
 GQKDFISLGLQDGLVFRYQLGSGEARLVSEDPINDGEWHRVTALREGRRGSIQVDGEELVSG
 RSPGPNVAVNAKGSYIGGAPDVATLTGG RFSSGITGCVKNLVLHSARPGAPPPQPLDLQHRAQA
 20 GANTRPCPS

SEQ ID N°2

DAPGQYGAYF HDDGFLAFPG HVF SRSLPEV PETIELEVRT STASGLLLWQ GVEVGEAGQG 60
 KDFISLGLQD GHLVFRYQLG SGEARLVSED PINDGEWHRV TALREGRRGS IQVDGEELVS 120
 25 GRSPGPNVAV NAKGSYIGG APDVATLTGG RFSSGITGCVKNLVLHSARP GAPPPQPLDL 180
 QHRAQAGANT RPCPS

SEQ ID N° 3 >gi|5031773|ref|NP_005520.1|pHSPG2| heparan sulfate proteoglycan 2 (perlecan);
 HSPG - un fragment -de la séquence du Perlecan SEQ IN N° 3

30 RTCRCKNNVVGRLCNECADRSFHLSTRNPDGCLKFCMGVSRHCTSSWSRAQLHGASEEPGHF
 SLTNAASTHTTNEGIFSPTPGELGFSSFHRLLSGPYFWSLPSRFLGDKVTSYGGELRFTVTQRSQP
 GSTPLHGQPLVVLQGNIILEHHVAQEPSGQPSTFIVPFREQA WQRPDGPATREHLLMALAGI
 DTLLIRASYAQQAESRLSGISMDVAVPEETGQDPALEVEQCSCPPGYLGPSCQDCDTGYTRTPS
 GLYLGT CERCSCGHSEACEPETGACQGCQHHTEGPRCEQCQPGYYGDAQRGTPQDCQLCPCY
 35 GDPAAGQAALTCFLDTDGHTCDACSPGHSGRHCERCAPGYGNPSQGQPCQRDSQVPGPIGC
 NCDPQGSVSSQCDAAAGQCQCKAQVEGLTCSHCRPHHFHLSASNPDGCLPCFCMGITQQCASSAY
 TRHLISTHFAPGDFQGFALVNPQRNSRLTGFTVEPVPEGAQLSFGNFAQLGHESFYW

SEQ ID N°4

40 MKVWVALLLL AAWAAAERDC RVSSFRVKEN FDKARFSGTW YAMAKKDPEG LFLQDNIVAE 60
 FSVDETQMS ATAKGRVRLN NNWDVCADMV GTFTDTEPA KFKMKYWGVA SFLQKGNDDH 120
 WIVDTDYDTY AVQYSCRLN LDGTCADSYS FVFSRDPNGL PPEAQKIVRQ RQEELCLARQ 180
 YRLIVHNGYC DGRSERNLL

45 SEQ ID N° 5 >gi|132404|sp|P02753|RETB_HUMAN PLASMA RETINOL-BINDING PROTEIN
 PRECURSOR (PRBP)
 (RBP)

MKWVWALLLLA AAWAAAERDCRVSSFRVKENFDKARFSGTWYAMAKKDPEGLFLQDNIVAEFS
 VDETQMSATAKGRVRLN NNWDVCADMVGTFTDTEPAKFKMKYWGVA SFLQKGNDDHWI
 50 VDTDYDTYAVQYSCRLNLDGTCADSYSFVFSRDPNGLPPEAQKIVRQRQEELCLARQYRLIVH
 NGYCDGRSERNLL

SEQ ID N° 6>gi|72085|pir|VAHU plasma retinol-binding protein precursor - human

55 MKVWVALLLLA AAWAAAERDCRVSSFRVKENFDKARFSGTWYAMAKKDPEGLFLQDNIVAEFS
 VDETQMSATAKGRVRLN NNWDVCADMVGTFTDTEPAKFKMKYWGVA SFLQKGNDDHWI

VDTDYDTYAVQYSCRLLNLDGTCADSYSFVFSRDPNGLPPEAQKIVRQRQEELCLARQYRLIVH
NGYCDGRSERNLL

5 SEQ ID N° 7>gi|225862|prf|1401251A retinol binding protein [Homo sapiens]
ERDCRVSSFRVKENFDKARFSGTWYAMAKKDPEGLFLQDNIVAEFSVDETGMQMSATAKGRVRL
LNNWDVCADMVGTFTDTEDPAKFKMKYWGVASFLQKGNDDHWIVDTDYDTYAVQYSCRLL
NLDGTCADSYSFVFSRDPNGLPPEAQKIVRQRQEELCLARQYRLIVHNGYCDGRSERNL

10 SEQ ID N°8
MQSLMQAPLL IALGLLLATP AQAHLLKKPSQ LSSFSWDNCD EGKDPVIRS LTLEPDPIVV
PGNVTLSVVG STSVPLSSPL KVDLVLEKEV AGLWIKIPCT DYIGSCTFEH FCDVLDMLIP
TGEPCEPLR TYGLPCHCPF KEGTYSPLKS EFVVPDLELP SWLTTGNYRI ESVLSSSGKR
LGCIIAASL KGI

15 SEQ ID N°9
MQSLMQAPLL IALGLLLATP AQAHLLKKPSQ LSSFSWDNCF EGKDPVIRS LTLEPDPIVV
PGNVTLSVVG STSVPLSSPL KVDLVLEKEV AGLWIKIPCT DYIGSCTFEH FCDVLDMLIP
TGEPCEPLR TYGLPCHCPF KEGTYSPLKS EFAVPDLELP SWLTTGNYRI ESVLSSSGKR
LGCIIAASL KGI

20 SEQ ID N° 10 >gi|226416|prf|1511095A Gm2 activator protein [Homo sapiens]
LLATPAQAHLLKKPSQLSSFSWDNCDEGKDPAVIRSLTLEPDPIVVPGNVTLSVVGSTSVPLSSPLK
VDLV
LEKEVAGLWIKIPCTDYIGSCTFEHFCDVLDMLIPTGEPCEPLRTYGLPCHCPFKEGTYSPLKSEF
25 VVP
DLELP SWLTTGNYRIESVLSSSGKRLGCIIAASLKGI

30 SEQ ID N° 11 >gi|31857|emb|CAA43408.1| GM2-activator protein
RAGPPFPMQSLMQAPLLIALGLLLAAPAQAHLLKKPSQLSSFSWDNCDEGKDPAVIRSLTLEPDPII
VPGN
VTL SVMGSTSVPLSSPLKVDLVLEKEVAGLWIKIPCTDYIGSCTFEHFCDVLDMLIPTGEPCEPL
RTYG
LPCHCPFKEGTYSPLKSEFVVPDLELP SWLTTGNYRIESVLSSSGKRLGCIIAASLKGI

35 SEQ ID N° 12 >gi|673416|emb|CAA43994.1| GM2 activator protein
MQAPLLIALGLLLATPAQAHLLKKPSQLSSFSWDNCDEGKDPAVIRSLTLEPDPIVVPGNVTLSV
GSTSV
PLSSPLKVDLVLEKEVAGLWIKIPCTDYIGSCTFEHFCDVLDMLIPTGEPCEPLRTYGLPCHCPF
EGT
40 YSLPKSEFVVPDLELP SWLTTGNYRIESVLSSSGKRLGCIIAASLKGI

SEQ ID N° 13 >gi|2135302|pir|154178 GM2-activator protein - human
MQSLMQAPLLIALGLLLATPAQAHLLKKPSQLSSFSWDNCDEGKDPAVIRSLTLEPDPIVVPGNVT
LSVVG
45 STSVPLSSPLKVDLVLEKEVAGLWIKIPCTDYIGSCTFEHFCDVLDMLIPTGEPCEPLRTYGLPCH
CPF
KEGTYSPLKSEFVVPDLELP SWLTTGNYRIESVLSSSGKRLGCIIAASLKGI

50 SEQ ID N° 14>gi|4587479|gb|AAD25741.1|AF124719_1 GM2 activator protein
MQSLMQAPLLIALGLLLATPAQAHLLKKPSQLSSFSWDNCDEGKDPAVIRSLTLEPDPIVVPGNVT
LSVVG
STSVPLSSPLKVDLVLEKEVAGLWIKIPCTDYIGSCTFEHFCDVLDMLIPTGEPCEPLRTYGLPCH
CPF
KEGTYSPLKSEFVVPDLELP SWLTTGNYRIESVLSSSGKRLGCIIAASLKGI

55

- SEQ ID N° 15 >gi|4504029|ref|NP_000396.1|pGM2A| GM2 ganglioside activator protein
 MQSLMQAPLLIALGLLLATPAQAHLKKPSQLSSFSWDNCDEGKDPAVIRSLTLEPDPIVVPGNVT
 LSVVG
 STSVPLSSPLKVDLVLEKEVAGLWIKIPCTDYIGSCTFEHFCDVLDMLIPTGEPCEPLRTYGLPCH
 5 CPF
 KEGTYSLPKSEFVVPDLELPSWLTTGNYRIESVLSSSGKRLGCIKIAASLKGI
- SEQ ID N° 16 >gi|266988|sp|P17900|SAP3_HUMAN GANGLIOSIDE GM2 ACTIVATOR
 PRECURSOR
 10 (CEREBROSIDE SULFATE ACTIVATOR PROTEIN) (SHINGOLIPID ACTIVATOR PROTEIN 3)
 (SAP-3)
 MQSLMQAPLLIALGLLLATPAQAHLKKPSQLSSFSWDNCDEGKDPAVIRSLTLEPDPIVVPGNVT
 LSVVGSTSVPLSSPLKVDLVLEKEVAGLWIKIPCTDYIGSCTFEHFCDVLDMLIPTGEPCEPLRTY
 GLPCHCPF
 15 KEGTYSLPKSEFVVPDLELPSWLTTGNYRIESVLSSSGKRLGCIKIAASLKGI
- SEQ ID N° 17 >gi|225793|prf|1313351B Ca binding protein MRP14 [Homo sapiens]
 MTCKMSQLERNIETIINTFHQYSVKLGHPDTLNQGEFKELVRKDLQNFLKKENKNEKVIEHIMED
 LDTNADKQLSFEEFIMLMARLTWASHEKMHEGDEGPGHHHKPGLGEGTP
 20
- SEQ ID N° 18 >gi|115442|sp|P05109|S108_HUMAN CALGRANULIN A (MIGRATION INHIBITORY
 FACTOR-RELATED PROTEIN 8) (MRP-8) (CYSTIC FIBROSIS ANTIGEN) (CFAG) (P8)
 (LEUKOCYTE LI COMPLEX LIGHT CHAIN) (S100 CALCIUM-BINDING PROTEIN A8)
 MLTELEKALNSIIDVYHKYSLIKGNFHAVYRDDLKLLLETECPQYIRKKGADVWFKELDINTDG
 25 AVNFQEFLILVIKMGVAAHKKKSHEESHKE
- SEQ ID N° 19 >gi|2507565|sp|P80511|S112_HUMAN CALGRANULIN C (CAGC) (P6) (CGRP)
 (NEUTROPHILS100 PROTEIN) (CALCIUM-BINDING PROTEIN IN AMNIOTIC FLUID 1)
 (CAAF1)
 30 MTKLEEHLLEGIVNIFHQYSVRKGFHDTLSKGELKQLLTKEANTIKNIKDKAVIDEIFQGLDANQ
 DEQVDFQEFISLVAIALKAAHYHHTKE
- SEQ ID N° 20 >gi|115444|sp|P06702|S109_HUMAN CALGRANULIN B (MIGRATION INHIBITORY
 FACTOR-RELATED PROTEIN 14) (MRP-14) (P14) (LEUKOCYTE LI COMPLEX HEAVY
 35 CHAIN)
 (S100 CALCIUM-BINDING PROTEIN A9)
 MTCKMSQLERNIETIINTFHQYSVKLGHPDTLNQGEFKELVRKDLQNFLKKENKNEKVIEHIMED
 LDTNADKQLSFEEFIMLMARLTWASHEKMHEGDEGPGHHHKPGLGEGTP
- SEQ ID N° 21 >gi|2146972|pir|JC4891 S100 A12 protein - human
 TKLEEHLLEGIVNIFHQYSVRKGFHDTLSKGELKQLLTKEANTIKNIKDKAVIDEIFQGLDANQDE
 40 QVDFQEFISLVAIALKAAHYHHTKE
- SEQ ID N° 22 >gi|625310|pir|BCHUCF calcium-binding protein MRP-8 - human
 45 MLTELEKALNSIIDVYHKYSLIKGNFHAVYRDDLKLLLETECPQYIRKKGADVWFKELDINTDG
 AVNFQEFLILVIKMGVAAHKKKSHEESHKE
- SEQ ID N° 23 >gi|2119369|pir|JC4712 amniotic fluid-1 calcium-binding protein homologue -
 human
 50 MTKLEEHLLEGIVNIFHQYSVRKGFHDTLSKGELKQLLTKEANTIKNIKDKAVIDEIFQGLDANQ
 DEQVDFQEFISLVAIALKAAHYHHTKE
- SEQ ID N° 24
 55 DNGDVCQDCI QMVTDIQTAV RTNSTFVQAL VEHVKEECDR LGPGMADICK NYISQYSEIA 60
 IQMMMHMQDQ QPKEICALVG FCDEV 85

- SEQ ID N° 25 >gi|4506905|ref|NP_000533.1|pSFTP| surfactant, pulmonary-associated protein B
 MAESHLLQWLLLLPTLCGPGTAAWTTSSLACAQGPEFWCQSLEQALQCRALGHCLQE VWGH
 VGADDLCQECEDIVHILNKMAKEAIFQDTMRKFLEQECNVLPKLLMPQCNQVLDDYFPLVIDY
 5 FQNQIDSNGICMHLGLCKSRQPEPEQEPGMSDPLPKPLRDPLDPLDDKL VLPVLP GALQARPGP
 HTQDLSEQQFPIPLPYCWL CRALIKRIQAMIPKGALRVA VAQVCRVVPLVAGGICQCLAERYSVI
 LLDTLGRMLPQLVCRLVLRCSMDDSAGPRSPTGEWLPRDSECHLCMSVTTQAGNSSEQAIPQA
 MLQACVGSWLDREKCKQFVEQHTPQLLTLVPRGWD AHTTCQALGVC GTMSSPLQCIHSPDL
- 10 SEQ ID N° 26 >gi|131418|sp|P07988|PSPB_HUMAN PULMONARY SURFACTANT-ASSOCIATED
 PROTEIN B
 PRECURSOR (SP-B) (6 KD PROTEIN) (PULMONARY SURFACTANT-ASSOCIATED
 PROTEOLIPID SPL(PHE)) (18 KD PULMONARY-SURFACTANT PROTEIN)
 MAESHLLQWLLLLPTLCGPGTAAWTTSSLACAQGPEFWCQSLEQALQCRALGHCLQE VWGH
 15 VGADDLCQECEDIVHILNKMAKEAIFQDTMRKFLEQECNVLPKLLMPQCNQVLDDYFPLVIDY
 FQNQTD SNGICMHLGLCKSRQPEPEQEPGMSDPLPKPLRDPLDPLDDKL VLPVLP GALQARPGPH
 TQDLSEQQFPIPLPYCWL CRALIKRIQAMIPKGALRVA VAQVCRVVPLVAGGICQCLAERYSVIL
 LDTLLGRMLPQLVCRLVLRCSMDDSAGPRSPTGEWLPRDSECHLCMSVTTQAGNSSEQAIPQAM
 LQACVGSWLDREKCKQFVEQHTPQLLTLVPRGWD AHTTCQALGVC GTMSSPLQCIHSPDL
- 20 SEQ ID N° 27 >gi|71980|pir|LNHUB pulmonary surfactant protein B precursor - human
 MAESHLLQWLLLLPTLCGPGTAAWTTSSLACAQGPEFWCQSLEQALQCRALGHCLQE VWGH
 VGADDLCQECEDIVHILNKMAKEAIFQDTMRKFLEQECNVLPKLLMPQCNQVLDDYFPLVIDY
 25 FQNQTD SNGICMHLGLCKSRQPEPEQEPGMSDPLPKPLRDPLDPLDDKL VLPVLP GALQARPGPH
 TQDLSEQQFPIPLPYCWL CRALIKRIQAMIPKGALRVA VAQVCRVVPLVAGGICQCLAERYSVILL
 DTLGRMLPQLVCRLVLRCSMDDSAGPRSPTGEWLPRDSECHLCMSVTTQAGNSSEQAIPQAML
 QACVGSWLDREKCKQFVEQHTPQLLTLVPRGWD AHTTCQALGVC GTMSSPLQCIHSPDL
- 30 SEQ ID N° 28 >gi|1360694|pir|SAHUP saposin precursor - human
 MYALFLLASLLGAALAGPVLGLKECTRGSAVWCQN VKTASDCGAVKHCLQTVWNKPTVKSLP
 CDICKDVVTAAGDMLKDNATEEEILVYLEKTCDWLPKPNMSASCKEIVDSYLPVILDIK GEMSR
 PGEVCSALNLCESLQKHLAELNHQKQLESNKIPELDMTEVVAPFMANIPLLLYPQDGPRSKPQPK
 DNGDVCQDCIQMVTDIQTAVRTNSTFVQALVEHVKEECDRLGPGMADICKNYISQYSEIAIQMM
 MHMQDQPKICALVGFCDEVKEMPMQTLVPAKVASKNVIPALELVEPIKKHEVPAKSDVYCE
 35 VCEFLVKEVTKLIDNNKTEKEILD AFDKMCSKLPKSLSEECQEVVD TYGSSILSILLEEVSPELVC
 SMLHLCSGTRLPALT VHVTQPKDGGFCEVCKKLVGYLDRNLEKNSTKQEILAALEKGCSFLPDP
 YQKQCDQFVAEYEPVLEILVEVMDPSFVCLKIGACPSAHKPLLGT EKIWGPSYWCQNTETAA
 QCNAVEHCKRHVWN
- 40 SEQ ID N° 29 >gi|134218|sp|P07602|SAP_HUMAN PROACTIVATOR POLYPEPTIDE
 PRECURSOR [CONTAINS:
 SAPOSIN A (PROTEIN A); SAPOSIN B (SPHINGOLIPID ACTIVATOR PROTEIN 1) (SAP-1)
 (DISPERSIN) (SULFATIDE/GM1 ACTIVATOR); SAPOSIN C (CO-BETA-GLUCOSIDASE) (A1
 ACTIVATOR) (GLUCOSYL CERAMIDASE ACTIVATOR) (SPHINGOLIPID>
 45 MYALFLLASLLGAALAGPVLGLKECTRGSAVWCQN VKTASDCGAVKHCLQTVWNKPTVKSLP
 CDICKDVVTAAGDMLKDNATEEEILVYLEKTCDWLPKPNMSASCKEIVDSYLPVILDIK GEMSR
 PGEVCSALLCESLQKHLAELNHQKQLESNKIPELDMTEVVAPFMANIPLLLYPQDGPRSKPQPKD
 NGDVCQDCIQMVTDIQTAVRTNSTFVQALVEHVKEECDRLGPGMADICKNYISQYSEIAIQMM
 MHMQPKICALVGFCDEVKEMPMQTLVPAKVASKNVIPALELVEPIKKHEVPAKSDVYCEVCE
 50 FLVKEVTKLIDNNKTEKEILD AFDKMCSKLPKSLSEECQEVVD TYGSSILSILLEEVSPELVCSML
 HLCSGTRLPALT VHVTQPKDGGFCEVCKKLVGYLDRNLEKNSTKQEILAALEKGCSFLPDPYQK
 QCDQFVAEYEPVLEILVEVMDPSFVCLKIGACPSAHKPLLGT EKIWGPSYWCQNTETAAQCN
 AVEHCKRHVWN

SEQ ID N° 30>gi|186542|gb|J03912.1|HUMIRBPM Human interstitial retinol binding protein (IRBP) mRNA, complete cds

5 ATGAGAGAATGGGTTCTGCTCATGTCCGTGCTGCTCTGTGGCCTGGCTGGCCCCACACACCT
 GTTCCAGCCAAGCCTGGTGTGGACATGGCCAAGGTCCTCTTGGATAACTACTGCTTCCCG
 GAGAACCTGCTGGGCATGCAGGAAGCCATCCAGCAGGCCATCAAGAGCCATGAGATTCTG
 AGCATCTCAGACCCGCAGACGCTGGCCAGTGTGCTGACAGCCGGGGTGCAGAGCTCCCTGA
 ACGATCCTCGCCTGGTCATCTCCTATGAGCCCAGCACCCCCGAGCCTCCCCACAAGTCCCA
 GCACTCACCAGCCTCTCAGAAGAGGAACTGCTTGCCTGGCTGCAAAGGGGCCCTCCGCCATG
 10 AGGTTCTGGAGGGTAATGTGGGGTACCTGCGGGTGGACAGCGTCCCGGGCCAGGAGGTGCT
 GAGCATGATGGGGGAGTTCCTGGTGGCCACGTGTGGGGGAATCTCATGGGCACCTCCGCC
 TTAGTGCTGGATCTCCGGCACTGCACAGGAGGCCAGGTCTCTGGCATTCCCTACATCATCTC
 CTACCTGCACCCAGGGAACACCATCCTGCACGTGGACACTATCTACAACCGCCCCCTCCAAC
 ACCACCACGGAGATCTGGACCTTGCCCCAGGTCTTGGGAGAAAGGTACGGTGCCGACAAG
 GATGTGGTGGTCTCTCACCAGCAGCCAGACAGGGGCGTGGCCGAGGACATCGCGCACATCC
 15 TTAAGCAGATGCGCAGGGCCATCGTGGTGGGCGAGCGGACTGGGGGAGGGGCCCTGGACC
 TCCGGAAGCTGAGGATAGGCGAGTCTGACTTCTTCTTCACGGTGCCCGTGTCCAGGTCCCTG
 GGGCCCCCTTGGTGGAGGCGAGACAGTGGGAGGGCAGCGGGGTGCTGCCCTGTGTGGGG
 ACTCCGGCCGAGCAGGCCCTGGAGAAAGCCCTGGCCATCCTCACTCTGCGCAGCGCCCTTC
 CAGGGGTAGTCCACTGCCTCCAGGAGGTCTGAAGGACTACTACACGCTGGTGGACCGTGT
 20 GCCCACCCTGCTGCAGCACTTGGCCAGCATGGACTTCTCCACGGTGGTCTCCGAGGAAGAT
 CTGGTCACCAAGCTCAATGCCGGCCTGCAGGCTGCGTCTGAGGATCCAGGCTCCTGGTGC
 GAGCCATCGGGCCACAGAACTCCTTCTTGGCCCCGCGCCGACGCTGCAGCCGAAGACTC
 ACCAGGGGTGGCCCCAGAGTTGCCTGAGGACGAGGCTATCCGGCAAGCACTGGTGGACTCT
 GTGTTCCAGGTGTGCGGTGCTGCCAGGCAATGTGGGCTACCTGCGCTTCGATAGTTTTGCTGA
 25 CGCCTCCGTCTGGGTGTGTTGGCCCCATATGTCCTGCGCCAGGTGTGGGAGCCGCTACAG
 GACACGGAGCACCTCATCATGGACCTGCGCCACAACCCTGGAGGGCCATCCTCTGCTGTGC
 CCCTGCTCCTGTCTACTTCCAGGGCCCTGAGGCCGGCCCCGTGCACCTCTTACCACCTAT
 GATCGCCGCACCAACATCACGCAGGAGCACTTCAGCCACATGGAGCTCCCGGGCCACGCT
 ACAGCACCCAACGTGGGGTGTATCTGCTCACCAGCCACCGCACCGGCACGGCCGGAGGA
 30 GTTCGCCTTCTCTATGCAGTCGCTGGGCTGGGCCACACTGGTAGGTGAGATCACCGGGGC
 AACCTGCTGCACACCCGCACGGTGCCGCTGCTGGACACACCCGAAGGCAGCCTCGCGCTCA
 CCGTGCCGCTCCTCACCTTCATCGACAATCACGGCGAGGCCTGGCTGGGTGGTGGAGTGGT
 GCGCGATGCCATCGTGTGCTGGCCGAGGAGGCCCTGGACAAAGCCCAGGAAGTGTGGAGTTC
 CACCAAAGCCTGGGGGCCCTTGGTGGAGGGCACAGGGCACCTGCTGGAGGGCCACTATGCTC
 35 GGCCAGAGGTGCTGGGGCAGACCAGTGCCTCCTGCGGGCCAAGCTGGCCCAGGGCGCCTA
 CCGCACAGCTGTGGACTTGGAGTCTCTGGCCTCTCAGCTCACAGCAGACCTCCAGGAGGTG
 TCTGGGGACCAACGCTTGTAGTGTCCACAGCCCTGGCGAGCTGGTGGTAGAGGAAGCAC
 CCCCACCAACCCCTGCTGTCCCCTCTCCAGAGGAGCTACCTACCTTATTGAGGCCCTGTTT
 AAGACAGAGGTGCTGCCCCGCCAGCTGGGCTACCTGCGTTTTGACGCCATGGCTGAAGTGG
 40 AGACAGTGAAGGCCGTGGGGCCACAGCTGGTGC GGCTGGTATGGCAACAG
 CTGGTGGACACGGCTGCGCTGGTGTGACCTGCGCTACAACCCTGGCAGCTACTCCACGG
 CCATCCCGCTGCTCTGCTCCTACTTCTTTGAGGCAGAGCCCCGCCAGCACCTGTATTCTGTC
 TTTGACAGGGCCACCTCAAAAGTCACGGAGGTGTGGACCTTGCCCCAGGTGCGCGGCCAGC
 GCTACGGCTCACACAAGGACCTCTACATCCTGATGAGCCACACCAAGTGGCTCTGCGGCCGA
 45 GGCCTTTGCACACACCATGCAGGACCTGCAGCGGGCCACGGTCATTGGGGAGCCCCAGGCC
 GGAGGCGCACTCTCTGTGGGCATCTACCAGGTGGGCGAGCAGCCCCCTTATATGCATCCATGC
 CCACCCAGATGGCCATGAGTGCCACCACAGGCAAGGCCTGGGACCTGGGTGGTGGAGGC
 CGACATCACTGTGCCATGAGCGAAGCCCTTCCATAGCCCCAGGACATAGTGGCTCTGCGT
 GCCAAGGTGCCACGGTGTGTCAGAGAGCCGGGAAGCTGGTGGCTGATAACTATGCCTCTG
 50 CCGAGTGGGGGCCAAGATGGCCACCAAAGTGTGAGCGGTCTGCAGAGCCGCTACTCCAGGGT
 GACCTCAGAAGTGGCCCTAGCCGAGATCCTGGGGGCTGACCTGCAGATGCTCTCCGGAGAC
 CCACACCTGAAGGCAGCCCATATCCCTGAGAATGCCAAGGACCGCATTCTGGAATTGTGC
 CCATGCAGATCCCTTCCCCTGAAGTATTTGAAGAGCTGATCAAGTTTTCTTCCACACTAAC
 GTGCTTGAGGACAACATTGGCTACTTGAGGTTTGACATGTTTGGGGACGGTGAGCTGCTCA

CCCAGGTCTCCAGGCTGCTGGTGGAGCACATCTGGAAGAAGATCATGCACACGGATGCCAT
 GATCATCGACATGAGGTTCAACATCGGTGGCCCCACATCCTCCATTCCCATCTTGTGCTCCT
 ACTTCTTTGATGAAGGCCCTCCAGTTCTGCTGGACAAGATCTACAGCCGGCCTGATGACTCT
 GTCAGTGAACCTCTGGACACACGCCAGGTTGTAGGTGAACGCTATGGCTCCAAGAAGAGCA
 5 TGGTCATTCTGACCAGCAGTGTGACGGCCGGCACCGCGGAGGAGTTCACCTATATCATGAA
 GAGGCTGGGCCGGGCCCTGGTCATTGG
 GGAGGTGACCAGTGGGGGCTGCCAGCCACCACAGACCTACCACGTGGATGACACCAACCTC
 TACCTCACTATCCCCACGGCCCGTTCTGTGGGGGCCTCGGATGGCAGCTCCTGGGAAGGGG
 TGGGGGTGACACCCCATGTGGTTGTCCCTGCAGAAGAGGCTCTCGCCAGGGCCAAGGAGAT
 10 GCTCCAGCACAAACCAGCTGAGGGTGAAGCGGAGGCCAGGCCTGCAGGACCACCTGTAGGG
 AAGGGCCCCATAGGCAGAGCCCCAGGGCAGACAGAACCTCTGGGACACACACCAAGGGCA
 CTCCTGCAGGTGGCCCGGCCTGAGGTTCCCAGGAGCAGCAAAGGGGCCTGCTGAGCTCTGG
 TTAGGTTACAGCTGGAGGTGTGTATATATACACACACACACATGTATATACACATATATAT
 GTGTATGTATATATATGTATATATATATGGCTTTCCAATAACCACCTAAATTTTAACAAAGG
 15 TTCTTCTAAGTGGTAGAAGTTGGGGTGGTATTTTACCTTCCTTCTTCATACTTTGCTCTTT
 TTCTTAAATACTCATTAAATGTGCATATATCATTATTTTCAGATGCAGCTATCATTATTCCAA
 AATACAAAATAA

SEQ ID N°31> NAME = 'Reverse-Translation of GM2 FRAG' : TYPE = DNA
 20 ATGCARWSNYTNATGCARGCNCCNYTNYNATHGCNYTNNGNYTNYNATNGCNACNCCN
 GCNCARGCNCAYYTNAARAARCCNWSNCARYTNWSNWSNTTYWSNTGGGAYAAAYTGYGAY
 GARGGNAARGAYCCNGCNGTNATHMGNWSNYTNACNYTNGARCCNGAYCCNATHGTNGTN
 CCNGGNAAYGTNACNYTNWSNGTNGTNGGNWSNACNWSNGTNCNNTNWSNWSNCCNYT
 NAARGTNGAYYTNGTNYTNGARAARGARGTNGCNGGNYTNTGGATHAARATHCCNTGYAC
 25 NGAYTAYATHGGNWSNTGYACNTTYGARCAYYTYTGYGAYGTNYTNGAYATGYTNATHCC
 NACNGGNGARCCNTGYCCNGARCCNYTNMGNAACNTAYGGNYTNCCNTGYCAYTYGCCNTT
 YAARGARGGNACNTAYWSNYTNCCNAARWSNGARTTYGTNGTNCNGAYYTNGARYTNCC
 NWSNTGGYTACNACNGGNAAYTAYMGNAATHGARWSNGTNYTNWSNWSNWSNGGNAARM
 GNYTNGGNTGYATHAARATHGCNGCNWSNYTNAARGGNATH

30 SEQ ID N° 32>gi|4587475|gb|AF124717.1|HSGM2A1 Homo sapiens GM2 activator protein (GM2A)
 gene, exon 1, complete sequence
 TTTCTTTGCGTAACCAATACTGGAAGGCATTTAAAGGACCTCTGCCGCCTCAGACCTTGCAG
 TTAACCTCCGCCCTGACCCACCCTTCCCGATGCAGTCCCTGATGCAGGCTCCCCTCCTGATCG
 35 CCCTGGGCTTGCTTCTCGCGACCCCTGCGCAAGCCACCTGAAAAAGGTGAGTGCACCCTC
 TTTTAAGAGTCTGTTTGCAGCCTCCTGGCCAGCTACGGGTGTGCGGGTCTGGCTGAGATAT
 GGGGGTGGCCACTCCGTTCTCTAGAATTGGTTCTCTGCACTAGAGCCTTCCAAAGTAACTAA
 TTATGGGATTCTGGTCTGTACAATGAGGGTGGCCTCTAAAGACTTGTCTGCTCCAGGCCCT
 TTTTGGAGAGATTAATCTCACGTCTGCACTCTCCTGCCCTCCCTCCAAGCGCCGGAGTGAAA
 40 ATGCAGACAGCCTTAAACTAAGGCATTGCCCCCAAGAGATTCAATCCTGTTAACCTGCA
 CCTTACTCCTGACCCCACTCCTTATGTCCCCCATGATAAGGCCTGCTGCCTCATCTCTTCCC
 CTGCTCGAATGCCCTGAGGTCTTCTGAGAGTTGGGAGGGTTTGAGAGCTTTCCAAGGCCA
 AGAGGATTCACTAAG

45 SEQ ID N° 33 >gi|4587476|gb|AF124718.1|HSGM2A2 Homo sapiens GM2 activator protein (GM2A)
 gene, exon 2, complete sequence
 CAGGAGCTTGCCCTCTTGCTGGGATTCCAACGCTGGCTGGAGAGGAGTGGGCAGCAGGGAG
 GTGGGAAGTCAGAGAAGGTGCCCCACCAAAGGCCTATTAGGTCACTCTCCTGTTTGGAAAGTT
 CCAGGTCTATCATATCCTGCCTTATAGTTTACAATACACTTTTGGGAGATTATGTCCTTTTGA
 50 GTCTTTTAGTTTAGTCTGCTATATAAATGAGTAGGATAAGTGTATCCCAGGTTTATAGGT
 ATGGAGTCTCATAGATGAGGCTCAGGGACGGGGTGCCTCACCCAAGGTCACACTGCCAGG
 AGCTCATTTTTCTGTGATCTGTGATAGTTTCTTTTGTCAACCTTTTTCTTCTCTCTCTT
 GCTGCCTGATTGTCCCCAGCCATCCCAGCTCAGTAGCTTTTCTGGGATAACTGTGATGAAG
 GGAAGGACCCTGCGGTGATCAGAAGCCTGACTCTGGAGCCTGACCCCATCGTCGTTCTCTGG

AAATGTGACCCTCAGTGTCTGTTGGGCAGCACCAGTGTCCCCCTGAGTTCTCTCTGAAGGTG
 AGCCTGGGGTGGGTGGAGAAGGGAGGTGCGAGGGTCTGGCCAGCAGGGGTACTGGGGC
 ATGTATGCTTGGGGAAGTGTGAAGAATTTTCAAGATCTGATTCCCAGAGAATAGTACAGG
 ACATGTAGATTACAGACTCTTTTACAGGTTTATGGAATCTCAGGATCATAAGATTGAAAG
 5 GAATCTCTGATGTCAGCGCCAGCAACTTCTGGTGAGGGCAGGAGTGACGGATACCTTGCA
 CCTGGCAGAAGCGTCTGGCCTTCTCTGGGCCTGGTGGCCAAGTCTCATTATTATCTGACA
 GCTCTGGTTGGCCAATTTGGTTTTGCTGTTAATTATAAAAATTGATATACCAATTAGCCAGTA
 ATATATAGTCACTTTAGAAAACACAAGTGGTCAAAAAATAAATAAAATAGGCCAAGTGTGG
 10 TAACTTCATGCCTGTAATTCCACACCCCTTAGGAGGCTGAAGGTGGGTGGGATCCTTTTTGA
 GG

SEQ ID N° 34>gi|4587477|gb|AF124719.1|HSGM2A3 Homo sapiens GM2 activator protein (GM2A)
 gene, exons 3 and 4, complete sequence; and complete cds
 ACAGTAGATGCCAGTGCATTTCAATGCAAGTGTAGAGCCAATCAATGGGTAGTGAAGTACC
 15 TAAAGAATTTTAAAGACTATGGATTGAGCATGATGGCTCACGGCCTGTAATCCCAGCCTTTG
 GAAGGTGAAGGTGAAAGGATTGCTTGAGGCCAGGAGTTCAGACCAGCTTGGGCAACAAA
 GTGAGCCCCATCTCTACAAAAAATACAAAATTAGCTGGGTGTGGTGGCATGTGCCTGTCTG
 TGTTCACCTACATGGGAGGCTGAGGCAGGAGGATCGTCTGAGCCCAGGAGTTTGAGGC
 TGCAGTGAGTGAGTGCAGTGCAGTGCATGATACAAAAAATAAAGAATTCTAAGTCTATGTA
 20 TAGTTCAGTGTAGGGGGAAAATTCACATTTGATTATTAATGTCTGCCATGGGCACAATAAT
 AACTATACTCACACATGGGCCACAATGTTGCCATTCTAGAACAGACTATCTCTAAGATCT
 CATCCAGTTAAAAATTCTATGATTAATAATATTGCTGCTTTTTTGAAGACAGAAGAGCTGG
 TATGTTTGGCCTGGAATTTACACTTATAACCTTTTTCAAACCTTTGTTTTATTTTTTTACC
 AGGTGGATTTAGTTTTGGAGAAGGAGGTGGCTGGCCTCTGGATCAAGATCCCATGCACAGA
 25 CTACATTTGCCAGCTGTACCTTTGAACACTTCTGTGATGTGCTTGACATGTTAATTCCTACTG
 GGGAGCCTGCCAGAGCCCCTGCGTACCTATGGGCTTCCCTGCCACTGTCCCTTCAAAGA
 AGTAAGTACTTAGGGAGGAGAGAGCGTTACCCCTGTGGCTAAAGAGATGGGGTTTGGAGA
 GAAGGGTCTTTGCATTCTCCTTCTGCAGATCTGCATGTCTCTGGATTGTAAGCCAGTGTGA
 CCTATCAGGAATCACTTATCTTCCGGGAGCCTCAGTTATCCATCTACGAAATGGGAGACTTG
 30 AACTTAGATGTGATCTTCAGGGCCCTTTATCCATATAATCCATGCTCTACAGTGCTATGGCC
 GTCTCTCATCTTGTGCGGCTGTTTTGAGAATGGGAAGAGGGGTGGTAGTTCATGGCTGCAA
 TCCTAGCAGTGGCTCTAGGAGAAAGACCCCATCAGTAGGCTCCCACTGACTGGCGGTCCAC
 TGGCTTTCCCGCAGGGAACCTACTCACTGCCCAAGAGCGAATTCGTTGTGCCTGACCTGGA
 GCTGCCCAGTTGGCTCACCACCGGGAACCTACCGCATAGAGAGCGTCTGAGCAGCAGTGGG
 35 AAGCGTCTGGGCTGCATCAAGATCGCTGCCTCTCTAAAGGGCATATAGCATGGCATCTGCC
 ACAGCAGAATGGAGCGGTGTGAGGAAGGTCCCTTTTCTCTGTTTTGTGTTTGCCAAGGCC
 AAATCCCCTCTCTGCCCCCTTTAATCCCCTTCTACAGTGAGTCCACTACCCTCACTGA
 AAATCATTTTGTACCACTTACATTTTAGGCTGGGGCAAGCAGCCCTGACCTAAGGGAGAAT
 GAGTTGGACAGTTCTTGATAGCCAGGGCATCTGCTGGGCTGACCACGTTACTCATCCCCGT
 40 TAACATTCTCTCTAAAGAGCCTCGTTTCAATTTCCAAAGCAGTTAAGGAATGGGAACAGAGTG
 TTTTAGGACCTGAAGAATCTTTATGACTCTCTCTCTTTCTCTCTTTTTTTT

SEQ ID N° 35>gi|4587475|gb|AF124717.1|HSGM2A1 Homo sapiens GM2 activator protein (GM2A)
 gene, exon 1, complete sequence
 TTTCTTTGCGTAACCAATACTGGAAGGCATTTAAAGGACCTCTGCCGCCTCAGACCTTGCAG
 45 TTAATCCGCCCTGACCCACCTTCCCAGTGCAGTCCCTGATGCAGGCTCCCTCCTGATCG
 CCTGGGCTTGCTTCTCGCGACCCCTGCGCAAGCCACCTGAAAAAGGTGAGTGCACCCTC
 TTTTAAAGAGTCTGTTTGCAGCCTCCTGGCCCAGCTACGGGTGTGCGGGTCTGGCTGAGATAT
 GGGGTGGCCACTCCGTTCTCTAGAATTGGTTCTCTGCACTAGAGCCTTCCAAAGTAACTAA
 50 TTATGGGATTCTGGTCTGTACAATTGAGGTGGCCTCTAAAGACTTGTCTGCTCCAGGCCCT
 TTTTGGAGAGATTAACTCAGCTCTGCACTCTCCTGCCCTCCCTCCAAGCGCGGAGTGAAA
 ATGCAGACAGCCTTAAACTAAGGCATTGCCCCCAAGAGATTCAAGTCTGTTAACCCTGCA
 CCTTACTCCTGACCCCCACTCCTTATGTCCCCCATGATAAGGCCTGCTGCCTCATCTCTCCC

CTGCTCGAATGCCCTGAGGTCTTCCTGAGAGTTGGGAGGGTTTGAGAGCTTTCCAAGGCCA
AGAGGATTCATAAG

- 5 SEQ ID N° 36>gi|4587476|gb|AF124718.1|HSGM2A2 Homo sapiens GM2 activator protein (GM2A)
gene, exon 2, complete sequence
CAGGAGCTTGCCCTCTTGCTGGGATTCCAACGCTGGCTGGAGAGGAGTGGGCAGCAGGGAG
GTGGGAAGTCAGAGAAGGTGCCACCAAAGGCCTATTAGGTCAGTCTCCTGTTTGGAAGTT
CCAGGTCTATCATATCCTGCCTTATAGTTTACAATACACTTTTGGGAGATTATGTCTTTTGA
GTCTTTTAGTTTAGTCCTGCCTATAAAATGAGTAGGATAAGTGTTATCCCAGGTTTCATAGGT
10 ATGGAGTCTCATAGATGAGGCTCAGGGACGGGGGTGCCTCACCCAAGGTCACACTGCCAGG
AGCTCATTTTTCTGTGATCTGTGATAGTTTCTTTTGTC AACCTTTTTCTTCTCTCCTTCCTT
GCTGCCTGATTGTCCCCAGCCATCCCAGCTCAGTAGCTTTTCTGGGATAACTGTGATGAAG
GGAAGGACCCTGCGGTGATCAGAAGCCTGACTCTGGAGCCTGACCCCATCGTCGTTCTCTGG
AAATGTGACCCTCAGTGTCTGGGAGCAGCAGTGTCCCCCTGAGTTCTCCTCTGAAGGTG
15 AGCCTGGGGGTGGGTGGAGAAGGGGAGGTGCGAGGGTCTGGCCAGCAGGGGTACTGGGGC
ATGTATGCTTTGGGAACTGTGAAGAATTTAGAATCCTGGATTCCCAGAGAATAGTACAGG
ACATGTAGATTAGACACTCTTTCACAGGTTTCATGGAATCTCAGGATCATAGATTGAAAG
CAATCTCTGATGTCAGCGCCAGCAACTTCTGGTGAGGGCAGGAGTGACGGATACCTTGCA
CCTGGCAGAAGCGTCTGGCCTTCTCTGGGCCTGGTGGCCAACTGCTCATTATTATCTGACA
20 GCTCTGGTTGGCCAATTTGGTTTTGCTGTTAATTATAAAATTGATATACCAATTAGCCAGTA
ATATATAGTCACTTTAGAAAACACAAGTGGTCAAAAAATAAATAAAATAGGCCAAGTGTGG
TAACTTCATGCCTGTAATTCCCACACCCTTAGGAGGCTGAAGGTGGGTGGGATCCTTTTTGA
GG
- 25 SEQ ID N° 37>gi|4587477|gb|AF124719.1|HSGM2A3 Homo sapiens GM2 activator protein (GM2A)
gene, exons 3 and 4, complete sequence; and complete cds
ACAGTAGATGCCAGTGCATTTCAATGCAAGTGTTAGAGCCAATCAATGGGTAGTGA CTACC
TAAAGAATTTTAAGACTATGGATTGAGCATGATGGCTCACGGCCTGTAATCCCAGCCTTTG
GAAGGTGAAGGTGAAAGGATTGCTTGAGGCCAGGAGTTCAGACCAGCTTGGGCAACAAA
30 GTGAGCCCCACTCTACAAAAAATACAAAATTAGCTGGGTGTGGTGGCATGTGCCTGTCTG
TGTTTCCCACCTACATGGGAGGCTGAGGCAGGAGGATCGTCTGAGCCCAGGAGTTTGAGGC
TGCAGTGAGTGCAGTGAGCCATGATACAAAAAATAAAGAATTCTAAGTCTATGTA
TAGTTTCAGTGTAGGGGGAAATTCACATTTGATTATTAATGTCTGCCATGGGCACAATAAT
ACACTATACTCACACATGGGCCACAATGTTGCCATTCTAGAACAGACTATCTCTAAGATCT
35 CATCCAGTTAAAAATTCTATGATTAAAAATATATTGCTGCTTTTTTTGAAGACAGAAGAGCTGG
TATGTTTGCCTGGAATTTACACTTATAACCTTTTTCAAACCTTTGTTTTATTTTTTTTACC
AGGTGGATTTAGTTTTGGAGAAGGAGGTGGCTGGCCTCTGGATCAAGATCCCATGCACAGA
CTACATTGGCAGCTGTACCTTTGAACACTTCTGTGATGTGCTTGACATGTTAATTCCTACTG
GGGAGCCCTGCCAGAGCCCTGCGTACCTATGGGCTTCCTTGCCACTGTCCCTTCAAAGA
40 AGTAAGTACTTAGGGAGGAGAGAGCGTTACCCCTGTGGCTAAAGAGATGGGGTTTGGAGA
GAAGGGTCTTTGCATTCTCCTTCTGCAGATCTGCATGTCTCTGGATTTGTAAGCCAGTGTGA
CCTATCAGGAATCACTTATCTTCCGGGAGCCTCAGTTATCCATCTACGAAATGGGAGACTTG
AACTTAGATGTGATCTTCAGGGCCCTTTATCCATATAATCCATGCTCTACAGTGCTATGGCC
GTCTCTCATCTTGTGCGGCTGTTTTGAGAATGGGAAGAGGGGTGGTAGTTTCATGGCTGCAA
45 TCCTAGCAGTGGCTCTAGGAGAAAAGACCCCATCAGTAGGCTCCCACTGACTGGCGGTCCAC
TGGCTTTCCCGCAGGGAACCTACTCACTGCCCAAGAGCGAATTCGTTGTGCCTGACCTGGA
GCTGCCCAGTTGGCTCACCACCGGGAACACCGCATAGAGAGCGTCTGAGCAGCAGTGGG
AAGCGTCTGGGCTGCATCAAGATCGCTGCCTCTCTAAAGGGCATATAGCATGGCATCTGCC
ACAGCAGAATGGAGCGGTGTGAGGAAGGTCCCTTTTCTCTGTTTTGTGTTTGGCAAGGCC
50 AAATCCCCTCTCTGCCCCCTTTAATCCCCTTTCTACAGTGAGTCCACTACCCTCACTGA
AAATCATTTTTGTACCACTTACATTTTAGGCTGGGGCAAGCAGCCCTGACCTAAGGGAGAAT
GAGTTGGACAGTTCTTGATAGCCAGGGCATCTGCTGGGCTGACCACGTTACTCATCCCCGT
TAACATTCTCTCTAAAGAGCCTCGTTTCATTTCAAAGCAGTTAAGGAATGGGAACAGAGTG
TTTTAGGACCTGAAGAATCTTTATGACTCTCTCTCTTCTCTTTTTTTTT

SEQ ID N° 38>gi|4504028|ref|NM_000405.1|GM2A| Homo sapiens GM2 ganglioside activator protein (GM2A) mRNA

5 TTTCTTTGCGTAACCAATACTGGAAGGCATTTAAAGGACCTCTGCCGCCTCAGACCTTGCA
TTAACTCCGCCCTGACCCACCTTCCCGATGCAGTCCCTGATGCAGGCTCCCCTCCTGATCG
CCCTGGGCTTGCTTCTCGCGACCCCTGCGCAAGCCACCTGAAAAAGCCATCCCAGCTCAG
TAGCTTTTCTGGGATAACTGTGATGAAGGGAAGGACCCTGCGGTGATCAGAAGCCTGACT
CTGGAGCCTGACCCCATCGTCGTTCTGGAATGTGACCCTCAGTGTCTGGGAGCAGCACC
GTGTCCCCTGAGTTCTCCTCTGAAGGTGGATTTAGTTTTGGAGAAGGAGGTGGCTGGCCTC
10 TGGATCAAGATCCCATGCACAGACTACATTGGCAGCTGTACCTTTGAACACTTCTGTGATGT
GCTTGACATGTTAATTCCTACTGGGGAGCCCTGCCAGAGCCCCCTGCGTACCTATGGGCTTC
CTTGCCACTGTCCCTTCAAAGAAGGAACCTACTGCCCCAAGAGCGAATTCGTTGTGCCT
GACCTGGAGCTGCCAGTTGGCTCACCACCGGGAACCTACCGCATAGAGAGCGTCTGAGCA
GCAGTGGGAAGCGTCTGGGCTGCATCAAGATCGCTGCCTCTCTAAAGGGCATATAGCATGG
15 CATCTGCCACAGCAGAATGGAGCGGTGTGAGGAAGGTCCCTTTTCTCTGTTTTGTGTTTGC
CAAGGCCAACTCCCACTCTCTGCCCCCTTTAATCCCTTTCTACAGTGAGTCCACTACCC
TCACTGAAAATCATTTTGTACCACTTACATTTTAGGCTGGGGCAAGCAGCCCTGACCTAAG
GGAGAATGAGTTGGACAGTTCTTGATAGCCAGGGCATCTGCTGGGCTGACCACGTTACTC
ATCCCCGTAAACATTCTCTCTAAAGAGCCTCGTTCATTTCAAAGCAGTTAAGGAATGGGA
20 ACAGAGTGTTTTAGGACCTGAAGAATCTTTATGACTCTCTCTCTTTCTCTCTTTTTTTT

SEQ ID N° 39>gi|4587476|gb|AF124718.1|HSGM2A2 Homo sapiens GM2 activator protein (GM2A) gene, exon 2, complete sequence

25 CAGGAGCTTGCCCTCTTGCTGGGATTCCAACGCTGGCTGGAGAGGAGTGGGCAGCAGGGAG
GTGGGAAGTCAGAGAAGGTGCCCACCAAAGGCCATTAGGTCAGTCTCCTGTTTGGAAAGTT
CCAGGTCTATCATATCCTGCCTTATAGTTTACAATACACTTTTGGGAGATTATGTCTTTTGA
GTCTTTTAGTTTAGTCTGCCTATAAAATGAGTAGGATAAGTGTTATCCCAGGTTTCATAGGT
ATGAGTCTCATAGATGAGGCTCAGGGACGGGGTGCCCTACCCCAAGGTCACACTGCCAGG
AGCTCATTTTCTCTGTGATCTGTGATAGTTTCTTTTGTCAACCTTTTCTTCTCTCCTTCCTT
30 GCTGCCTGATTGTCCCCAGCCATCCCAGCTCAGTAGCTTTTCTGCGGATAACTGTGATGAAG
GGAAGGACCCTGCGGTGATCAGAAGCCTGACTCTGGAGCCTGACCCCATCGTCGTTCTCTGG
AAATGTGACCCTCAGTGTCTGGGAGCAGCACCAGTGTCCCCCTGAGTTCTCCTCTGAAGGTG
AGCCTGGGGGTGGGTGGAGAAGGGGAGGTGCGAGGGTCTGGCCAGCAGGGGTACTGGGGC
ATGTATGCTTGGGGAAGTGTGAAGAATTTGAGAATCCTGGATTCCCAGAGAATAGTACAGG
35 ACATGTAGATTACAGACACTCTTTCACAGGTTTCATGGAATCTCAGGATCATAAGATTGAAAG
GAATCTCTGATGTCAGCGCCAGCAACTTCTGGTGAGGGCAGGAGTGACGGATACCTTGCA
CCTGGCAGAAGCGTCTGCGCTTCTCTGGGCTGGTGGCCAACTGCTCATTATTATCTGACA
GCTCTGGTTGGCCAAATTGGTTTTGCTGTTAATTATAAAATTGATATACCAATTAGCCAGTA
ATATATAGTCACTTTAGAAAACACAAGTGGTCAAAAAATAAATAAAATAGGCCAAGTGTGG
40 TAACTTCATGCCTGTAATTCCCACACCCTTAGGAGGCTGAAGGTGGGTGGGATCCTTTTTGA
GG

SEQ ID N° 40 >gi|4587477|gb|AF124719.1|HSGM2A3 Homo sapiens GM2 activator protein (GM2A) gene, exons 3 and 4, complete sequence; and complete cds

45 ACAGTAGATGCCAGTGATTTCAATGCAAGTGTTAGAGCCAATCAATGGGTAGTGACTACCT
AAAGAATTTTAAGACTATGGATTGAGCATGATGGCTCACGGCCTGTAATCCCAGCCTTTGG
AAGGTGAAGGTGAAAGGATTGCTTGAGGCCAGGAGTTCCAGACCAGCTTGGGCAACAAAG
TGAGCCCCATCTCTACAAAAAATACAAAATTAGCTGGGTGTGGTGGCATGTGCCTGTCTGT
GTTTCCACCTACATGGGAGGCTGAGGCAGGAGGATCGTCTGAGCCCAGGAGTTTGAGGCT
50 GCAGTGAGTGACGTGAGCCATGATACAAAAAATAAAGAATTCTAAGTCTATGTAT
AGTTCAGTGATAGGGGGAAAATTACATTTGATTATTAATGTCTGCCATGGGCACAATAATA
CACTATACTCACACATGGGCCACAATGTTGCCATTCTAGAACAGACTATCTCTAAGATCTC
ATCCAGTTAAAAATTCTATGATTAATAATATTGCTGCTTTTTTGAAGACAGAAGAGCTGGT
ATGTTTGCCTGGAATTTACACTTATAACCTTTTTCAAACCTTTGTTTTATTTTTTTTACCA

GGTGGATTTAGTTTTGGAGAAGGAGGTGGCTGGCCTCTGGATCAAGATCCCATGCACAGAC
TACATTGGCAGCTGTACCTTTGAACACTTCTGTGATGTGCTTGACATGTTAATTCCTACTGG
GGAGCCCTGCCAGAGCCCCTGCGTACCTATGGGCTTCCTTGCCACTGTCCCTTCAAAGAA
GTAAGTACTTAGGGAGGAGAGAGCGTTACCCCTGTGGCTAAAGAGATGGGGTTTGGAGAG
5 AAGGGTCTTTGCATTCTCCTTCTGCAGATCTGCATGTCTCTGGATTTGTAAGCCAGTGTGAC
CTATCAGGAATCACTTATCTTCCGGGAGCCTCAGTTATCCATCTACGAAATGGGAGACTTG
AACTTAGATGTGATCTTCAGGGCCCTTTATCCATATAATCCATGCTCTACAGTGTCTATGGCC
GTCTCTCATCTTGTGCGGCTGTTTTGAGAATGGGAAGAGGGGTGGTAGTTCATGGCTGCAA
TCCTAGCAGTGGCTCTAGGAGAAAGACCCCATCAGTAGGCTCCCACTGACTGGCGGTCCAC
10 TGGCTTTCCCGCAGGGAACCTACTCACTGCCCAAGAGCGAATTCGTTGTGCCTGACCTGGA
GCTGCCCAGTTGGCTCACCACCGGGAACCTACCGCATAGAGAGCGTCCTGAGCAGCAGTGGG
AAGCGTCTGGGCTGCATCAAGATCGCTGCCTCTCTAAAGGGCATATAGCATGGCATCTGCC
ACAGCAGAATGGAGCGGTGTGAGGAAGGTCCCTTTTCTCTGTTTTGTGTTTGCCAAGGCC
AAACTCCCACTCTCTGCCCCCTTTAATCCCCTTTCTACAGTGAGTCCACTACCCTCACTGA
15 AAATCATTTTGTACCACTTACATTTTAGGCTGGGGCAAGCAGCCCTGACCTAAGGGAGAAT
GAGTTGGACAGTTCTTGATAGCCCAGGGCATCTGCTGGGCTGACCACGTTACTCATCCCCGT
TAACATTCTCTCTAAAGAGCCTCGTTCATTTCCAAAGCAGTTAAGGAATGGGAACAGAGTG
TTTTAGGACCTGAAGAATCTTTATGACTCTCTCTCTTTCTCTCTTTTTTTT

20 SEQ ID N° 41 >gi|4504028|ref|NM_000405.1|GM2A| Homo sapiens GM2 ganglioside activator
protein (GM2A) mRNA
TTTCTTTGCGTAACCAATACTGGAAGGCATTTAAAGGACCTCTGCCGCCTCAGACCTTGCAG
TTAACTCCGCCCTGACCCACCCTTCCCGATGCAGTCCCTGATGCAGGCTCCCCTCCTGATCG
CCCTGGGCTTGCTTCTCGCGACCCCTGCGCAAGCCACCTGAAAAAGCCATCCCAGCTCAG
25 TAGCTTTTCTGGGATAACTGTGATGAAGGGAAGGACCCTGCGGTGATCAGAAGCCTGACT
CTGGAGCCTGACCCCATCGTCTGTTCCCTGGAAATGTGACCCTCAGTGTCTGGGCGAGCACC
GTGTCCCCCTGAGTTCTCCTCTGAAGGTGGATTTAGTTTTGGAGAAGGAGGTGGCTGGCCTC
TGGATCAAGATCCCATGCACAGACTACATTGGCAGCTGTACCTTTGAACACTTCTGTGATGT
GCTTGACATGTTAATTCCTACTGGGGAGCCCTGCCAGAGCCCTGCGTACCTATGGGCTTC
30 CTTGCCACTGTCCCTTCAAAGAAGGAACCTACTCACTGCCCAAGAGCGAATTCGTTGTGCCT
GACCTGGAGCTGCCCAGTTGGCTCACCACCGGGAACCTACCGCATAGAGAGCGTCTGAGCA
GCAGTGGGAAGCGTCTGGGCTGCATCAAGATCGTGCCTCTCTAAAGGGCATATAGCATGG
CATCTGCCACAGCAGAATGGAGCGGTGTGAGGAAGGTCCCTTTTCTCTGTTTTGTGTTTGC
CAAGGCCAAACTCCCACTCTCTGCCCCCTTTAATCCCCTTTCTACAGTGAGTCCACTACCC
35 TCACTGAAAATCATTTTGTACCACTTACATTTTAGGCTGGGGCAAGCAGCCCTGACCTAAG
GGAGAATGAGTTGGACAGTTCTTGATAGCCCAGGGCATCTGCTGGGCTGACCACGTTACTC
ATCCCCGTTAACATTCTCTCTAAAGAGCCTCGTTCATTTCCAAAGCAGTTAAGGAATGGGA
ACAGAGTGTTTTAGGACCTGAAGAATCTTTATGACTCTCTCTCTTTCTCTCTTTTTTTT

40 SEQ ID N°42 > NAME = 'Reverse-Translation of CALB FRE' : TYPE = DNA
ATGACNTGYAARATGWSNCARYTNGARMGNAAYATHGARACNATHATHAAYACNTTYCAY
CARTAYWSNGTNAARYTNGGNCAAYCCNGAYACNYTNAAYCARGGNGARTTYAARGARYTN
GTNMGNAARGAYYTNCARAAYTTYTNAARAARGARAAYAARAAYGARAARGTNATHGAR
CAYATHATGGARGAYYTNGAYACNAAYGCNGAYAARCARYTNWSNTTYGARGARTTYATH
45 ATGYTNATGGCNMGNYTNACNTGGGCNWSNCAYGARAARATGCAYGARGGNGAYGARGG
NCCNGGNCAAYCAYCAARCCNGGNYTNGGNGARGGNACNCCN

SEQ ID N° 43>gi|188691|gb|M21005.1|HUMMRP8A Human migration inhibitory factor-related
protein 8 (MRP8) gene, complete cds
50 TTCCACCTTTTGGCTCTTGTAATAATGCTGCTATGAACATGAATGTACAAACATCTGTTTG
AATCCCTGCATTCAATTCTTTTGCATATATACCCAGGAGCAGAATGATGGATCATATGGTAA
TTCTGTGTTTATTTATTTGAGGAACAACTTGCCGTTTTCCATAACAGCTGCACTATTTTAC
ATTCCCACTAACAGTGCATTAGGCTTCCAATTCTCTATGCCCTCACCACACTTGTTTTCTG
GGTTTTAAAAGAAGTAGTAGTCATCCTTGAGGTGTCAGGTGGTATCTCATTGTCGTTTTGC

TTCATGTTTTCTAAAGATTAGTAATTTTCATATGCTTATTGACCATTTGTATATCTTCTTCG
 GAGAAGTGTCTATTTGAGTCTTTCCCAATTTTGATTGGTTTGTGTTTTGTGTTGAGT
 TGTAGGGATTCTTTTATATTCTGGATATTAATCCCTTATCAGATATTTGTTTTACAAATATTT
 TCTTTGTAACAACAGAAACACACCACAGTCTTCAAGGTTGGAAGCCAGTTAATCTGAGTAG
 5 CATTTTGTTAGTGGTGGGGAGAGGATTTGTTCTCTCTGAAATCCTGGGGAATTGGCCACCTC
 CTCTTCTCTCTTAGGCATGAAGCGGCTCTGGCTTCTCCAAGAACTCTTCCCCTCCACTAC
 CTCAGAGTTAGCTTCTCTCTCAGCCAGTGATCCTGGGGTCCCAGACACAATAATTAACCA
 AGAGAGGGTGAAAGGCTCCCTGCTGTGTTTATGCAATGGCTCAGGCCCTTGTGAAGTGCCG
 AGGGACCCCAAGCAGCCTCCATCTCCAGGGCATGGTCCATCCCAGCTTTACAGAAACAG
 10 GAAAGCTGTGGAGGAGTGTGGGCAGCAGGGTAGGAATGGATATAGCCCTTGGCAACAACA
 CATTTCCCAACAAAGCACCCACCCAAAAGAACAACAACGATAGTTTTAGTTTTAGTAATG
 AGAACAATAGTTCTCATGACTAAAAGCCATCAGCCAGGACACTGTTCTCAACCCTTTTGCG
 GTCTTTGGACCCTTTGAAACTCTGACAGAAGCCATGGAGGAATGTTCTCACTGAGTGCATG
 CACTCAAATGATGCATTCAACTTCAATTCAGTTTCAGGGATGTATGGCCTGACCACCAAT
 15 GCAGGGGATTAGCAATCGCAATAGTGGAGAGGGCATGGGAGTGGGAATCTGGCTGGATCA
 AGCAAGTGGATGCCAGCAGCCCAGAAAAAGAGCCCCCTACCTGCTTTTCTTCTCTGGGC
 ACTATTGCCAGCAAATGCCTTCTCTTCCGCTTCTCTACCTCCCCACCCAAAATTTTCAT
 TCTGCACAGTGATTGCCACATTCACTGGTTGAGAAACAGAGACTGTAGCAACTCTGGCAGG
 GAGAAGCTGTCTCTGATGGCCTGAAGCTGTGGGCAGCTGGCCAAGCCTAACCGCTATAAAA
 20 AGGAGCTGCCTCTCAGCCCTGCATGTCTCTTGTGAGCTGTCTTTCAGAAGACCTGGTAAGTG
 GGACTGTCTGGGTTGGCCCCGCACTTTGGGCTTCTCTTGGGGAGGGTCAGGGAAGTGGAGC
 AGCCTTCTGAGAGAGGAGAGAGAAAGCTCAGGGAGGTCTGGAGCAAAGATACTCTGGA
 GGTGGGGAGTGAGGCAGGGATAAGGAAGGAGATATCCTCCAGCACCTTCCAGTGGGTAA
 GGGCACATTGTCTCCTAGGCTGGACTTTTCTTGAGCAGAGGGTGGGGTGGTAAGGAAAGTC
 25 TACGGGCCCCCGTGTGTGTGCACATGTCTGTGTGAATGGACCCTTCCCCTTCCCACAGCT
 GTATCCCTATCATCCCACCTTCCCACCAGAGGCCATAGCCATCTGCTGGTTTTGGTTATTTG
 AGAGTGCAGGCCAGGACAAGGCCATCGCTTGGGGCATGAATCCTCTGCGTACTGCCCTGGC
 CAGATGCAAATTCCTGCCATGGGATTCCCCAGAAGGTTCTGTTTTTCAGGTGGGGCAAGTT
 CCGTGGGCATCATGTTGACCGAGCTGGAGAAAGCCTTGAAGTCTATCATCGACGTCTACCA
 30 CAAGTACTCCCTGATAAAGGGGAATTTCCATGCCGTCTACAGGGATGACCTGAAGAAATTG
 CTAGAGACCGAGTGTCTCAGTATATCAGGGTGAGGAGGGGCTGGGTGTGGCGGGGGCTCT
 CTGCCTGGTCTCTGGGGCTGCCCTGGGCCAGCGGTCTCCCTGCCACCCTTCATAGATGCTAT
 GCCTCGGCTCTCTCTGAGATCTTTAAACTCTGGCTTCTTCTCTCAATCTTGACAGAAAAA
 GGGTGCAGACGTCTGGTTCAAAGAGTTGGATATCAACACTGATGGTGCAGTTAACTTCCAG
 35 GAGTTCCTCATTCTGGTGATAAAGATGGGCGTGGCAGCCCAAAAAAAGCCATGAAGAA
 AGCCACAAAGAGTAGCTGAGTTACTGGGCCAGAGGCTGGGGCCCTGGACATGTACCTGCA
 GAATAATAAAGTCATCAATACCTCATGCCTCTCTCTTATGCTTTTGTTGAATGAGGTTCTC
 GGTGTGGAGGGAGGGTTGGAAAAACCCAAAGGAAGAAAAAGAAATCTATGTTATCCCACCC
 TACCTCTCACAAGCCTTTCTGCTTTACCCCTCACCTGGCCTCTGCCCCACATTCTTCAGCC
 40 CCTCATTTTCGAGCATTGGATTTGAGGCTTAAGGATTCAAAAAGTCGTCATGAATATAGCTG
 ATGATTTTATAGTGGTTCTGAAATGGGTGCGGGATTTGGGAACAGGGTGGTAGTATAAGAA
 CAACTGATACTGTTCTCTAAGCTAAATCTTAGCTTCCAGCTACCTGTCTTAGATGTGGCTCT
 TGGGAACCTTAGAGTGATAGCTACATAGAAGTGTGTGGGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTG
 TGTGTGTGTGAGAGAGAGACAGACAGAAAGAGAGCAAGAGAGGGAAGGGGGGAGAGGCT
 45 GATTGTGTGTGTGGTGTGATGTAGGTGGACAATGTTTCAGAGTCCTCCATTAACAGGATAAT
 CCTCACACCTGTCCACATACCTGTAGTTTGTCTTGGGGATTTTGAAAATTTTCTCTCCCTCT
 CCACTCCCAAACTCCCAACTCAATTAATGATAAAGGAATAGGCAAATAGGAAAATAAATT
 AGTAAAACTTAAGTCAAAGAATAGGTTATTCATACGCTGCCTATGGGATTCTATGCTTTGTG
 ATCAGAAAATTATCTAAAAAATACTTCCCAAGGGCTGGTACAAGGGAGGCCAGAAAGACGA
 50 GTGGTTCCTTCTCTGAGGTGGACATTAAAAAAGAAGAAATGAAGGGGAACCTTTTGACAA
 GAATGTCACCCCAACTGGATTTTCATGCTGTGGTGTGGGAATTTTCTGTTGTCTCACTT
 AGGTGCTGGGGCAGTGGTGTAGTGATGGGTAAAAAGGTAGGAAGCTGTCACAGAATCACT
 AAACCAGGGTTCTTAACCTGTCTGTCTATACATCTCTGAAATTGGGTGGAAGTTGTGTGCAT
 CATTTGAGTGACGCACTGAGAACATTCCTCCACGGCTTCCATCGAGAGTCTCGAAAAGGC

CCAACACCTCAAAAAGGTTAAGAACACTTGTCTGCTTACTGGTTTTTAGTAACAAATGGC
 AGAGTATTTCTCTCTGTCTCTCTCTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGAGACACAGGGTCTTGTCT
 GTCACGTGGACTAGAGTACAATGGGCATGATCATGGGCTCACTGTAGCCTCGAACACCTGG
 GCTCAAGTAATCCTCCCACCTCAGCCTCTTTAGTAGCTGGGACTACAGCATGAGCCACTGCC
 5 CTTGGCTAATTTTTAAATTATTTTGTAGAGATGGAACTTGCTATGTTGCCAGGCTAG
 TCTCAAACCTCTGGACTCAAGCGATCCTCCTACCTTGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAG
 TGTGATCCACACCACACCTGGCCAAAGATTGGAGTATTTTTATTGCTATTGTTGTCTGGGT
 GGGTGGGTGGGTGTATGCTTTGTGGGGACGTGTGTTGTTGCCAAGGGCTAAATCAGTTCCT
 ACCCTGCTGCCCACAGTCTCCACAGCTTTCCTGCTCTGTGAAGCTAAGGATACACCCCGAT
 10 GATAAGCTGTCAACATA

SEQ ID N° 44 >gi|4258693|gb|AI415189.1|AI415189 mc07e05.x1 Soares mouse p3NMF19.5 Mus
 musculus cDNA clone IMAGE:347840 3' similar to gb:X06233 CALGRANULIN B (HUMAN);
 gb:M83219 Mus musculus intracellular calcium-binding protein (MOUSE);, mRNA

15 sequence
 TTTTTTTTTTTTTTTTTTGGATAAAGACTTATTTATTATTTATCTTATCATTTCCAGAACAA
 AGGCCATTGAGTAAGCCATTCCCTTTAAACTTGGTTGGGCAGCTGTCACATGGCTGACCTCT
 TAATTACTTCCCACAGCCTTTGCCATGACTGTGGCCATGCCACGTGGGTGTTCTCATGCA
 GCTTCTCATGACAGGCAAAGATCAACTTTGCCATCAGCATCATACACTCCTCAAAGCTCAG
 20 CTGATTGTCTGGTTTGTGTCCAGGTCTCCATGATGTCAATTTATGAGGGCTTCATTTCTCTT
 CTCTTTCTTCATAAAAGGTTGCCAAACTGTGCTTCCCACCATTTGGTCTGAATTCCTTCTTGC
 TCAGGGTGTAGGGGNGGGTCTTCCTTCTTAAAGTATTGATGAAAGGGGGCCAGATGGGGGG
 GTTATGCTGCGCTCCATCTGAAAAGTGGCTTTGGTGGGCCAT

25 SEQ ID N° 45 clone IMAGE:1961521 3' similar to gb:X06233 CALGRANULIN B (HUMAN);, mRNA
 sequence
 TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGGAGGAAGAGACTTTATTTGGCCCCAGCCCCCTAGCCCCA
 CAGCCAAGACAGTTTGACATAACAGGCCCGGGGCCCTGGTTGGGTAGAGGCAGGGTGGC
 CTGGCTCTCTGATTAGTGGCTGTGGCCGTGGCCACCATGACTGTGGCCGTGGCCGGGGCCA
 30 CTGTGATCTTGGCCACTGTGGTCTTAGGGGGTGGCCTCCCCGAGGCCTGGCTTATGGTGGTG
 GCCAGGGGCCCTCGTCACCTCGTGCATTTTTCTGTGGGAGGCCAGGTTAGCCTCGCCATCA
 GCATGATGAACTCCTGGAGCTCAGCTGCTTGTCTGCATTTGGGTCCAGGTCTCCATGATGT
 GTTCTATGACCTTTTCATTCTTATTCTCCTTCTTGA

35 SEQ ID N° 46 >gi|4437201|gb|AI523066.1|AI523066 ar68a07.x1 Barstead aorta HPLRB6 Homo
 sapiens cDNA clone IMAGE:2127732 3' similar to gb:X06233 CALGRANULIN B
 (HUMAN);, mRNA sequence

GGAGGAAGAGACTTTATTTGGCCCCAGCCCCTATCCCCACAGCCAAGACAGTTTGACATAA
 CAGGCCCGGGGGCCCTGGTTGGGTAAAGGCAGGGTGGCCTGGCCTCCTGATTAGTGGCTGT
 40 GGCCGTGGCCACCATGACTGTGGCCGTGGCCGTGGCCACTGTGATCTTGGCCACTGTGGTC
 TTAGGGGGTGGCCTCCCCGAGGCCTGGCTTATGGTGGTGGCCAGGGCCCTCGTCACCTCG
 TGCATCTTCTCGTGGGAGGCCAGGTTAGCCTCGCCATCAGCATGATGAACTCCTCGAAGC
 TCAGCTGCTTGTCTGCATTTGTGTCCAGGTCTCCATGATGTGTTCTATGACCTTTTCATTCT
 TATTCTCCTTCTTGAGAAAATTTTGCAGATCTTTTCGCACCAGCTCTTNGAATTCCC

45 SEQ ID N° 47 >gi|4506772|ref|NM_002965.1|S100A9| Homo sapiens S100 calcium-binding protein
 A9 (calgranulin B) (S100A9) mRNA

AATTCGCTCGGCTTTGACAGAGTGCAAGACGATGACTTGCAAAATGTCCGAGCTGGAACGC
 AACATAGAGACCATCATCAACACCTTCCACCAATACTCTGTGAAGCTGGGGCACCCAGACA
 50 CCCTGAACCAGGGGGAATTCAAAGAGCTGGTGCGAAAAGATCTGCAAAATTTCTCAAGAA
 GGAGAATAAGAATGAAAAGGTCATAGAACACATCATGGAGGACCTGGACACAAATGCAGA
 CAAGCAGCTGAGCTTCGAGGAGTTCATCATGCTGATGGCGAGGCTAACCTGGGCCTCCCAC
 GAGAAGATGCACGAGGGTGACGAGGGCCCTGGCCACCACCATAAGCCAGGCCTCGGGGAG
 GGCACCCCTAAGACCACAGTGGCCAAGATCACAGTGGCCACGGCCATGGCCACAGTCATG

GTGGCCACGGCCACAGGCCACTAATCAGGAGGCCAGGCCACCCTGCCTCTACCCAACCAGG
GCCCCGGGGCCTGTTATGTCAAAGTGTCTTGGCTGTGGGGCTAGGGGCTGGGGCCAAATAA
AGTCTCTTCCCTCCAAGCT

- 5 SEQ ID N° 48 >gi|4618444|gb|AI609277.1|AI609277 tw83g12.x1 NCI_CGAP_HN5 Homo sapiens
cDNA
clone IMAGE:2266342 3' similar to gb:X06233 CALGRANULIN B (HUMAN);, mRNA
sequence

10 GACTTGGAGGAAGAGACTTTATTTGGCCCCAGCCCCTAGCCCCACAGCCAAGACAGTTTGA
CATAACAGGCCCCGGGGCCCTGGTTGGGTAGAGGCAGGGTGGCCTGGCCTCCTGATTAGTG
GCTGTGGCCGTGGCCACCATGACTGTGGCCGTGGCCGTGGCCACTGTGATCTTGGCCACTG
TGGTCTTAGGGGGTGGCCTCCCCGAGGCCTGGCTTATGGTGGTGGCCAGGGCCCTCGTCAC
CCTCGTGCATCTTCTCGTGGGAGGCCAGGTTAGCCTCGCCATCAGCATGATGAACCTCCTCG
AAGCTCAGCTGCTTGTCTGCATTTGTGTCCAGGTCCTCCATGATGTGTTCTATGACCTTTTC
15 ATTCTTATTCTCCTTCTTGAGAAAATTTTGCAGATCTTTTCGCACCAGCTCTTTGAATTCCC

SEQ ID N° 49>gi|4998166|gb|AI708390.1|AI708390 at13b02.x1 Barstead aorta HPLRB6 Homo
sapiens cDNA clone IMAGE:2354955 3' similar to gb:X06233 CALGRANULIN B
(HUMAN);, mRNA sequence

20 TGACTTGGAGGAAAAAACTTTATTTGGCCCCAGCCCCTAGCCCCACAGCCAAAACAGTTTG
ACATAACAGGCCCCGGGGCCCTGGTTGGGTAGAGGCAGGGGGGCTGGCCTCCTGATTAGT
GGCTGTGGCCGGGGCCACCATGACTGTGGCCGGGGCCGGGGCCACTGTGATCTTGGCCACTG
GGGTCTTAGGGGGTGGCCTCCCCGAGGCCTGGTTTATGGTGGTGGCCAGGGCCCTTGTAC
CCTTGTGCATTTTTTTCGTGGGAGGCCAGGTTAGCCTCGCCATCAGCATGATGAACCTCCTC

- 25 SEQ ID N° 50 >gi|5037688|gb|AI720432.1|AI720432 as81f09.x1 Barstead colon HPLRB7 Homo
sapiens cDNA clone IMAGE:2335145 3' similar to gb:X06233 CALGRANULIN B
(HUMAN);, mRNA sequence

30 GGAGGAAGAGACTTTATTTGGCCCCAGCCCCTAGCCCCACAGCCAAGACAGTTTGACATAA
CAGGCCCCGGGGCCCTGGTTGGGTAGAGGCAGGGTGGCCTGGCCTCCTGATTAGTGGCTGT
GGCCGTGGCCACCATGACTGTGGCCGTGGCCGTGGCCACTGTGATCTTGGCCACTGTGGTC
TTAGGGGGTGGCCTCCCCGAGGCCTGGCTTATGGTGGTGGCCAGGGCCCTCGTCAACCTCG
TGCATTTTCTCGTGGGAGGCCAGGTTAGCCTCGCCATCAGCATGATGAACCTCCTCGAAGCT
CAGCTGCTTGTCTGCATTTGTGTCCAGGTCCTCCATGATGTGTTCTATGACCTTTTTCATTCTT
35 ATTCTCCTTCTTGAGAAAATTTTGCAGATCTTTTCGCACCAGCTCTTTGAATCCCCCTGGTT
CAGGGTGTCTGGGTGCCCCA

SEQ ID N° 51>gi|188689|gb|M21064.1|HUMMRP14A Human migration inhibitory factor-related
protein 14 (MRP14) gene, complete cds

40 ATCACTGTGGAGTAGGGGAAGGGCACTCCTGGGGTGGCAAGGTGGGAGGTGGGCCCTGTG
TTCCACAGTGGGCAGGGAGGTAGTGAAAGGGAAGCTGGCCGGACAGGAAGGGCCATTCC
AAGAGGGCTTTGTGCGCAGGGCTAAGCCAAGCTTTCTCCATAGGCAATGGGGAGCAACTGG
AGGTTCTGTAGCAGGAGAAGGACACATCAAGCCACAGGAGGCTAAGTAAAAACAGTTGT
CTCCCAAGTTATAAGTTCCTGGAACCCTTGCTGGGAGCAGGATTTAGAAAAATGATGCTGA
45 GAGATGCTAGAAACATATTCGCCCTGAGGCTCTCTCACTCAGACTGCAAGAGGAAGGTATC
ATCAGAATTGCCCTTAACCAGGAACCAGAATAGCTGGGTCCCCCTCCTGCCAAGTCAGCAA
CCAGCTATGTGACCTTGCTCAGGTCCATCTCCGGGTGTCAAGTTTCTTCACTACAATGCAAG
AGGGTTGCCACCTCTGAGAACCCTTCTAACCCTCAATCTCACCTATGAATCTAAGAACA
CAACCCCTCGCCATCCTAAGTATCACAGAGCCAGGCAAGCATGGGTGAGAGCTCAGACCAT
50 CTTGTTGGACTAAAAGGAAGGGGCAGACTGCCATGGGGGGCAGCCGAGAGGGGTGAGGCC
CCCATAGGTCTCAGCCTGCTTCAACCTCAAAGGGGATGGGGGGCTGAGTGGTGCCAGAGG
AGCAGCAGGCTCGCTCGGGGAGAGTAGGGCCTTAGGATAGAAGGGAAATGAACCTAAACAA
CCAGCTTCTGCAAACAGTTTCAGGCCAGGGCTGGGAATTTCAAAAAAAGCAGAAGGCG
CTCTGTGAACATTTCTGCCCCGCCCCAGCCCCCTCCTGGCAGCATTAGCACACTGCTCAC

CTGTGAAGCAATCTTCCGGAGACAGGGCCAAAGGGCAAGTGCCCCAGTCAGGAGCTGCCTA
 TAAATGCCGAGCCTGCACAGCTCTGGCAAACACTCTGTGTGGCTCCTCGGCTTTGGTAAGT
 GAGCTGCCAGCTTCCCCAGGCAGAAGCCTGCCTGCCGATTCTTCTTTCTTCCCTGACCCA
 ACTTCCTTCCAAATCCTCCTCCTAGAAAGCCTCCTTGGTTGGCCCTGCCTACTTTAAAGCTT
 5 CTTTCACATTTTCTTAGGTCATGTTCCCTGGGGCCTCCTGCCCTCAAATGCTTTGCTTTTGG
 GCACTCTGTAGATATTCTAAAAAATCATTTTGTACATGTGTGTGACAGGCCATCTCCCAGTT
 AAGTTGCAGCCTGTGCTTTCTTTTTATTTTGCACCTCCCCCACTATTTCTGTGAGTGCTTAGT
 AGGAAGTGTCAAAGAAGCTTGACAGCATTTTCTTCTAAGTGTCCCAACTCTTGGTTTCCAT
 TACACAGACAGAGTGCAAGACGATGACTTGCAAAATGTGCGAGCTGGAACGCAACATAGA
 10 GACCATCATCAACACCTTCCACCAATACTCTGTGAAGCTGGGGCACCCAGACACCCTGAAC
 CAGGGGGAATTCAAAGAGCTGGTGCAGAAAAGATCTGCAAAATTTTCTCAAGGTAGGGCTGG
 ACTCTGGCAGGTCTGACCCAGCCTCACCCGAGTTTGGGTGACAAGGGAGGATGGGAGTAT
 GGGCTACAGCAATCAAGGGGAAGATTTGAGCTCCTGGAGCCCAGCCCCAAGACGCAGCGA
 GTGTCCTGTTATACAGGGCAGGTGCTCACAGTTACACAGGACGACAGGGTCAAGAAATTGC
 15 TCAATTGAACACCTGCTATTTGTGCGGCCCTGTTCTGGGCAGAGGGATGTAGTGGTAAATG
 GGAGCCCATTATCCATGAGGAGACACACAGTAAAGTTGTTGGCCAATAAAGAGCACAGAT
 AAAGCCAAATGCCAATAAGTGCCTGGAAGAAAATGAGATAGAGTGCCTGTGGGCAATGG
 GGCTGGGTGGGGTGGAGGTGACCAGTTAGGGTACATGAGAAGGGCCTCTTTGAGGAGGTA
 ACATTTGAGCTGAGCCCCGAATGTTGGGGAGGGAAGCCCCCTGAGGATGACACTTGGCACAA
 20 AGCTGAGGAGACCTAAGCCTCAGGGCGAACTTGGGGTGAAGACTTGGGGGCTTTTCTAA
 TCCTAAGGGTCTGCGGTGGAATAATGAATGCATAAAGAGCACATGGAGAGCACCTGCACAG
 CACTCAGGGAAGTGGGAGGTTTTTCCCCGCTCCAAAAATGATTAGGCAGTTCTAAGAAAA
 AGGCTGAGCACTTCCAACAGCCTTTTTGTTTTCTTTTCAAATTTGGGGAAAGTCGGGAAACA
 GAGGCCTGCATTAAAGAGGGTGAACACATGGGTCTCAGTCTCAGTTCAGTCCCGGAGCC
 25 AGACATCCTGGGGTAGGTCCCCAGCCTCCAGTGCCCTCCCTCCGCCTTGGTAAGGTGG
 AGAATTGCAGCCTTCAGAGTTAGGGGCCCTGACAGCTCTCCATAGGTGGAGGCCTCAGGCA
 GGCAGGATGCTGGGTGGGGTAGGCAAGAAAGGGGCCAGCAGAGAGGCCGCATCGGAAAAC
 TATCCTCATGTGAGCCCCCTATGCCCGCTTCACCCCCAGCTGACATCCCCCACCAGAAACA
 AAGCGATGCTGTGGGAAAGGAAGCAGAGCCTCATGGATGGGCTGCACAGGAGAGTGCTCG
 30 CATTGGCTGGGTACCCACAGGTTCTGGGAGGGGACTTAGCGAGGTGACTCAGTGCCTCGG
 CCTCCCAAAGTGCTGGGATTACAAGCATGAGCCACCCTGTCCGACCATCTCCCCTTTTATAC
 TTTATCACACCCTTGAGGTGAGCGGAGCACATACTCTGCTCTCTGACCCTCCATCTCCCCTG
 CCCACACCTAGGTTTTTTCTAGTGTTCCTCGTTGTATTGGTTGAAATAAGTTTCACTAATTG
 GTAACCTCCAGAGGGAAGGGAAGGGAGGGCAGGGGAAGGAGTGAAGTGCAGAGGGGTAG
 35 CAGAGTGGAAGTGGCCTCTAAGTCAGATCTGAATTTGCATGCCCTCAATAGTCAAGCCTGT
 GAAAATAATGACCCTCTCTAGGACTGGTTTCAAGTCTTCTCCAGGAAGATACCATTCCTA
 GCTGTTAAAGTTGTTATAAGGACCAAATGAGGTGACATTTCCAGGCTTACTCATGCCATGA
 CCAGGGCAAGACCCTGGAAGTCAAGCTTCTCTTCTATAAATAGAGAATCAGCACCCAAGTC
 ACAGGGTCATGGAGGGAATAAACTGGAGAGCGTTTGGTATGTGCTCAGTGTCTGCTCCATT
 40 GTGCGCACTCAGCCTATGGTCATTTTAAATTTTAAATCCAGCCCCAGGGTCGAGGCTTCT
 TGTACATTTGCCAGCTGGTCATTTACTGTGCTCCAGTCCCCACCTCTGGCCACACCCAGCT
 CTCACAGCCTTCTCTCCCCACCCGCAGAAGGAGAATAAGAATGAAAAGGTGATAGAACACA
 TCATGGAGGACCTGGACACAAATGCAGACAAGCAGCTGAGCTTCGAGGAGTTCATCATGCT
 GATGGCGAGGCTAACCTGGGCCTCCACGAGAAGATGCACGAGGGTGACGAGGGCCCTGG
 45 CCACCACCATAAGCCAGGCCTCGGGGAGGGCACCCCTAAGACCACAGTGGCCAAGATCA
 CAGTGGCCACGGCCACGGCCACAGTCATGGTGGCCACGGCCACAGGCCACTAATCAGGAG
 GCCAGGCCACCCTGCCTCTACCCAACCAGGGCCCCGGGGCTGTTATGTCAAAGTGTCTTGG
 CTGTGGGGCTAGGGGCTGGGGCAAATAAGTCTCTTCTCCAAGTCAGTGTCTGTGTGCTTC
 TTCCACCTCTTCTCCAACCCTGCCTTCCCAGGGCTCTGGCATTTAGACAGCCCTGTCCTTAT
 50 CTGTGACTCAGCCCCCTCATTCAGTATTAACAAAATGAGAAGCAGCAAAACATGGGTCTGT
 GCTGGGGCCCCTTGGCTCACCTCCCTGACCATGTCTCACCTCTGACTTCAGGCCCCACTGTT
 CAGATCCCAGGCTCCCTGCCCCATCTCAGACACCCTGTCCAGCCTGTCCAGCCTGACAAAT
 GGCCCTTGTCACTGTACTGTAGAAAGCAAAAAGGCATATCTCTACCCCTTGATATGCCT
 GCTACCTACCAACCAGCCCCAAGCCTGTCTTACCCATCACTGTCTACACAGCCCTCTCTC

TCTCCTAACAGAATTCTATTCTCTGAAAGTCTTCAGAACTGGACCTAGATAGTGCCATGT
CTGGGGAGGAATATGGCACCAGGCAGTGGAACAAGGACAGATCGGTGTGTTATCTCACAT
TTGATCAGAGAGCATGATCTCTCTTAACAGACCTGCCACCCTAATCAACGGGAGTGCTCAC
ACAAGTGGGAGTCTGAGAGCTTAGCCCTATGCCACCCTGG

5

SEQ ID 52>gi|4506772|ref|NM_002965.1|S100A9| Homo sapiens S100 calcium-binding protein
A9 (calgranulin B) (S100A9) mRNA

AATTCGCTCGGCTTTGACAGAGTGCAAGACGATGACTTGCAAAATGTCGCAGCTGGAACGC
AACATAGAGACCATCATCAACACCTTCCACCAATACTCTGTGAAGCTGGGGCACCCAGACA
10 CCCTGAACCAGGGGGAATTCAAAGAGCTGGTGCAGAAAAGATCTGCAAAATTTTCTCAAGAA
GGAGAATAAGAATGAAAAGGTCATAGAACACATCATGGAGGACCTGGACACAAATGCAGA
CAAGCAGCTGAGCTTCGAGGAGTTCATCATGCTGATGGCGAGGCTAACCTGGGCCTCCAC
GAGAAGATGCACGAGGGTGACGAGGGCCCTGGCCACCACCATAAGCCAGGCCTCGGGGAG
GGCACCCCTAAGACCACAGTGGCCAAGATCACAGTGGCCACGGCCATGGCCACAGTCATG
15 GTGGCCACGGCCACAGGCCACTAATCAGGAGGCCAGGCCACCCTGCCTCTACCCAACCAGG
GCCCCGGGGCCTGTTATGTCAAACCTGTCTTGGCTGTGGGGCTAGGGGCTGGGGCCAAATAA
AGTCTCTTCTCCAAGCT

SEQ ID N°53 > NAME = 'Reverse-Translation of SAP B FR' : TYPE = DNA

20 GAYAAAYGGNGAYGTNTGYCARGAYTGYATHCARATGGTNACNGAYATHCARACNGCNGTN
MGNACNAAAYWSNACNTTYGTNCARGCNYTNGTNGARCA YGTNAARGARGARTGYGAYMG
NYTNGGNCCNGGNATGGCNGAYATHTGAYAARAAYTAYATHWSNCARTAYWSNGARATHGC
NATHCARATGATGATGCAYATGCARGAYCARCARCCNAARGARATHTGYGCNYTNGTNGGN
TTYTGYGAYGARGTN

25

SEQ ID N° 54>gi|337755|gb|J03015.1|HUMSAP Homo sapiens sphingolipid activator protein 1
mRNA, 3' end

CGCGCTATGTACGCCCTCTTCCTCTGGCCAGCCTCCTGGGCGCGGCTCTAGCCGGCCCCGGT
CCTTGGACTGAAAGAATGCACCAGGGGCTCGGCAGTGTGGTGCCAGAATGTGAAGACGGC
30 GTCCGACTGCGGGGAGTGAAGCACTGCCTGCAGACCGTTTGGAAACAAGCCAACAGTGAA
ATCCCTTCCCTGCGACATATGCAAGACGTTGTACCCGCAGCTGGTGATATGCTGAAGGAC
AATGCCACTGAGGAGGAGATCCTTGTTTACTTGGAGAAGACCTGTGACTGGCTTCCGAAAC
CGAACATGTCTGCTTCATGCAAGGAGATAGTGGACTCCTACCTCCCTGTATCCTGGACATC
ATTAAAGGAGAAATGAGCCGTCCTGGGGAGGTGTGCTCTGCTCTCAACCTCTGCGAGTCTC
35 TCCAGAAGCACCTAGCAGAGCTGAATCACCAGAAGCAGCTGGAGTCCAATAAGATCCCAG
AGCTGGACATGACTGAGGTGGTGGCCCCCTTCATGGCCAACATCCCTCTCCTCCTCTACCT
CAGGACGGCCCCCGCAGCAAGCCCCAGCCAAAGGATAATGGGGACGTTTGCCAGGACTGC
ATTCAGATGGTGACTGACATCCAGACTGCTGTACGGACCAACTCCACCTTTGTCCAGGCCTT
GGTGGAAACATGTCAAGGAGGAGTGTGACCGCCTGGGCCCTGGCATGGCCGACATATGCAA
40 GAACTATATCAGCCAGTATTCTGAAATTGCTATCCAGATGATGATGCACATGCAACCCAAG
GAGATCTGTGCGCTGGTTGGGTTCTGTGATGAGGTGAAAGAGATGCCCATGCAGACTCTGG
TCCCCGCCAAAGTGGCCTCCAAGAATGTCATCCCTGCCCTGGAAGTGGTGGAGCCATTAA
GAAGCACGAGGTCCCAGCAAAGTCTGATGTTTACTGTGAGGTGTGTGAATTCCTGGTGAAG
GAGGTGACCAAGCTGATTGACAACAACAAGACTGAGAAAGAAATACTCGACGCTTTTGAC
45 AAAATGTGCTCGAAGCTGCCGAAGTCCCTGTGCGGAAGAGTGCCAGGAGGTGGTGGACACGT
ACGGCAGCTCCATCCTGTCCATCCTGCTGGAGGAGGTACGCCCTGAGCTGGTGTGACGAT
GCTGCACCTCTGCTCTGGCACGCGGCTGCCTGCACTGACCGTTTACGTGACTCAGCCAAAG
GACGGTGGCTTCTGCGAAGTGTGCAAGAAGCTGGTGGGTTATTTGGATCGCAACCTGGAGA
AAAACAGCACCAAGCAGGAGATCCTGGCTGCTCTTGAGAAAGGCTGCAGCTTCTGCCAGA
50 CCCTTACCAGAAGCAGTGTGATCAGTTTGTGGCAGAGTACGAGCCCGTGTGATCGAGATC
CTGGTGGAGGTGATGGATCCTTCTCGTGTGCTTGAATAATTGGAGCCTGCCCCCTCGGCCA
TAAGCCCTTGTGGGAACTGAGAAGTGTATATGGGGCCCAAGCTACTGGTGGCAGAACACA
GAGACAGCAGCCAGTGCAATGCTGTGAGCATTGCAAACGCCATGTGTGGAAGTAGGAG
GAGGAATATTCCATCTTGGCAGAAACCACAGCATTGGTTTTTTTCTACTTGTGTGTCTGGGG

GAATGAACGCACAGATCTGTTTGACTTTGTTATAAAAAATAGGGCTCCCCACCTCCCCATT
TCTGTGTCCTTTATTGTAGCATTGCTGTCTGCAAGGGAGCCCCTAGCCCCTGGCAGACATAG
CTGCTTCAGTGCCCCCTTTCTCTCTGCTAGATGGATGTTGATGCACTGGAGGTCTTTTAGCC
TGCCCTTGCAATGGCGCCTGCTGGAGGAGGAGAGAGCTCTGCTGGCATGAGCCACAGTTTCT
5 TGA CTGGAGGCCATCAACCCTCTTGGTTGAGGCCTTGTCTGAGCCCTGACATGTGCTTGGG
CACTGGTGGGCCTGGGCTTCTGAGGTGGCCTCCTGCCCTGATCAGGGACCCTCCCCGCTTTC
CTGGGCCTCTCAGTTGAACCAAAGCAGCAAAACAAAGGCAGTTTTATATGAAAGATTAGAA
GCCTGGAATAATCAGGCTTTTTAAATGATGTAATTCCTACTGTAATAGCATAGGGATTTTGG
AAGCAGCTGCTGGTGGCTTGGGACATCAGTGGGGCCAAGGGTTCTCTGTCCCTGGTTCAAC
10 TGTGATTTGGCTTTCCCGTGTCTTTCCTGGTGTATGCCTTGTTTGGGGTTCTGTGGGTTTGGGT
GGGAAGAGGGCCCATCTGCCTGAATGTAACCTGCTAGCTCTCCGAAGCCCTGCGGGCCTGG
CTTGTGTGAGCGTGTGGACAGTGGTGGCCGCGCTGTGCCTGCTCGTGTGCTACATGTCCC
TGGCTGTTGAGGCGCTGCTTCAGCCTGCACCCCTCCCTTGTCTCATAGATGCTCCTTTTGA
CCTTTTCAAATAAATATGGATGGCAAGCTCCTAGGCCTCTGCTTCCTGGTAGAGGGCGGCA
15 TGCCGAAGGGTCTGCTGGGTGTGGATTGGATGCTGGGGTGTGGGGTGTGGAAGCTGTCTGT
GGCCCACTTGGGCACCCACGCTTCTGTCCACTTCTGGTTGCCAGGAGACAGCAAGCAAAGC
CAGCAGGACATGAAGTTGCTATTAAATTGACTTCGTGATTTTTGTTTTGCACTAAAGTTTCT
GTGATTTAACAATAAAATTCTGTTAGCCAG

20 SEQ ID N° 55 >gi|337761|gb|M32221.1|HUMSAPABCD Human saposin proteins A-D mRNA,
complete cds
CGCGCTATGTACGCCCTCTTCCTCCTGGCCAGCCTCCTGGGCGCGGCTCTAGCCGGCCCCGGT
CCTTGGACTGAAAGAATGCACCAGGGGCTCGGCAGTGTGGTGCCAGAATGTGAAGACGGC
GTCCGACTGCGGGGCAGTGAAGCACTGCCTGCAGACCGTTTGAACAAGCCAACAGTGAA
25 ATCCCTTCCCTGCGACATATGCAAAGACGTTGTACCCGACGCTGGTGATATGCTGAAGGAC
AATGCCACTGAGGAGGAGATCCTTGTTTACTTGGAGAAGACCTGTGACTGGCTTCCGAAAC
CGAACATGTCTGCTTCATGCAAGGAGATAGTGGACTCCTACCTCCCTGTATCCTGGACATC
ATTAAAGGAGAAATGAGCCGTCTGGGAGGTGTGCTCTGCTCTCAACCTCTGCGAGTCTC
TCCAGAAGCACCTAGCAGAGCTGAATCACCAGAAGCAGCTGGAGTCCAATAAGATCCCAG
30 AGCTGGACATGACTGAGGTGGTGGCCCTTCTATGGCCAACATCCCTCTCCTCCTTACCCT
CAGGACGGCCCCGCAAGCAAGCCCCAGCCAAAGGATAATGGGGACGTTTGCCAGGACTGC
ATTCAGATGGTGACTGACATCCAGACTGCTGTACGGACCAACTCCACCTTTGTCCAGGCCTT
GGTGGAAACATGTCAAGGAGGAGTGTGACCGCCTGGGCCCTGGCATGGCCGACATATGCAA
GAACTATATCAGCCAGTATTCTGAAATTGCTATCCAGATGATGATGCACATGCAACCCAAG
35 GAGATCTGTGCGCTGGTTGGGTTCTGTGATGAGGTGAAAGAGATGCCCATGCAGACTCTGG
TCCCCGCCAAAGTGGCCTCCAAGAATGTATCCCTGCCCTGGAAGTGGTGGAGCCCATTA
GAAGCAGGAGGTCCCAGCAAAGTCTGATGTTTACTGTGAGGTGTGTGAATTCCTGGTGAAG
GAGGTGACCAAGCTGATTGACAACAACAAGACTGAGAAAGAAATACTCGACGCTTTTGAC
AAAATGTGCTCGAAGCTGCCGAAGTCCCTGTCCGAAGAGTGCCAGGAGGTGGTGGACACGT
40 ACGGCAGCTCCATCCTGTCCATCCTGCTGGAGGAGGTACGCCCTGAGCTGGTGTGCAGCAT
GCTGCACCTCTGCTCTGGCACGCGGCTGCCTGCACTGACCGTTACAGTGACTCAGCCAAAG
GACGGTGGCTTCTGCGAAGTGTGCAAGAAGCTGGTGGGTTATTTGGATCGCAACCTGGAGA
AAAACAGCACCAAGCAGGAGATCCTGGCTGCTCTTGAGAAAGGCTGCAGCTTCTTGCCAGA
CCCTTACCAGAAGCAGTGTGATCAGTTTGTGGCAGAGTACGAGCCCGTGTGATCGAGATC
45 CTGGTGGAGGTGATGGATCCTTTCCTTCGTGTGCTTGAAAAATTGGAGCCTGCCCCCTCGGCCA
TAAGCCCTTGTGGGAACTGAGAAGTGTATATGGGGCCCAAGCTACTGGTGCCAGAACACA
GAGACAGACGCCAGTGCAATGCTGTGAGCATTGCAAAACGCCATGTGTGGAATAGGAG
GAGGAATATTCCATCTTGGCAGAAACACAGCAGATTGGTTTTTTTCTACTTGTGTGTCTGGGG
GAATGAACGCACAGATCTGTTTGACTTTGTTATAAAAAATAGGGCTCCCCACCTCCCCATT
50 TCTGTGTCCTTTATTGTAGCATTGCTGTCTGCAAGGGAGCCCCTAGCCCCTGGCAGACATAG
CTGCTTCAGTGCCCCCTTTCTCTCTGCTAGATGGATGTTGATGCACTGGAGGTCTTTTAGCC
TGCCCTTGCAATGGCGCCTGCTGGAGGAGGAGAGAGCTCTGCTGGCATGAGCCACAGTTTCT
TGA CTGGAGGCCATCAACCCTCTTGGTTGAGGCCTTGTCTGAGCCCTGACATGTGCTTGGG
CACTGGTGGGCCTGGGCTTCTGAGGTGGCCTCCTGCCCTGATCAGGGACCCTCCCCGCTTTC

CTGGGCCTCTCAGTTGAACCAAAGCAGCAAAACAAAGGCAGTTTTATATGAAAGATTAGAA
GCCTGGAATAATCAGGCTTTTTAAATGATGTAATTCCCACTGTAATAGCATAGGGATTTTGG
AAGCAGCTGCTGGTGGCTTGGGACATCAGTG

- 5 SEQ ID N° 56>gi|3451333|gb|AC005525.1|AC005525 Homo sapiens chromosome 19, cosmid F22162, complete sequence Perlecan
GATCTTGGCTCACTGCAACCTCCGCCTCCAAGGTTCAAGCGATCCTCCCACCTCAGCCTCCC
AAGTAGCTGGGATTACAAGCGTGTGCTATCACACCTGGCTAATTTTTATATTTTGGTAGAG
ATGGGGTTTACACCTTGTGGTTAGGCTGGTCTTGAACCTCCTGACCTCAGGTGATCTGCCTGC
10 CTCAGCCTCCCAAGTGCTGGGATTACAGGTGTGAGCCACCGCGCCAGCCTGACCTTTTC
TTTCTCTACTGGCAAACTCCTGCTCTTTTTAAAGCCAAGCTCATGTCACCTCCTCTGTGA
AGTCCTCGCTGACTCCCCAAGCGGTCAAGTGTCTCTCTCGTATGGGCTCCCCGGCCCCCTGCAC
TGCTCTCCATCACACCCTGACCACTCTGGGCAGTGGCCCCCTCCCCACCACTGACTATGG
GCTCCTTGAAGGCAGGGCCTGGGTCTGCCCCATCTCTGTGTCCCCAGCAATGCTGGGCATG
15 AGTCAGCCTCAGAAGACATCTGCTGAATGGCTGCAAACCAGAGGAAATATCTCCAGCCTCA
GGCTGGGACCCCTCCCCTCTCTCCTCCCACCTCTGACTTCATAACCACTCACCTCCAGAGTC
TTCAATGCCCACTATTACTTCACACAGTTGGCCTGTGACAGGCAATCAGGTGATCGTCCACG
GCTACCAGGTGTTTCATGTCTACTGTGACTTCCAGGACCACAAGCCCTTTTGGCGCCACCAT
GTCTTCACCTAAGAGATCTTCAAAGCCCAGTATGTCTCTGGCACCCAGTGGATCCTCCATGC
20 CCACTGCGGATCCCAAGCCTCCTGCCTCCTTGAAGTCCACCAAATCAGCAACACCCAACAG
ATCCTTAGTGCCCAACCAACAGCGACATCCCGTAACTCAGTCATGAGCCCAAGCAGTTCC
AAGTCCACCAAATCGACCAAGTACAAAAAGAGCCCTTCTAACCAGGCCAGCAGCAGGTCCC
GAGTCCGCAGCAAAGCAAGAACACCCAGCAGGGTGAGCACCGACACCAGGACCAGCAAAG
CCAGCAAGGCCAGCGACGTGAGATGCCACCAGCGGAGGGGCACACACAGCCGGGGTAGGA
25 CACCTGGCAGAAGGGGAAGCCGCAGCTCCAAGAGGTCAACCAGCAGGGCCAGCACTCCTG
GCAGGATAAGAAGTCAATGGTGCCAGCAGGCAATGGCCAGCAGGGTGAGAACTCCCATTTC
ACAGCAAAAAGGAGCCGGGGAAGAGTTACGGCCGGCCTAGAACCAAGCAACAGGGAAA
GGAGTGACAGCCAGCCTAGAAATCTGAGCAAGAAGAGTTACCGCCCACCAGGAGGCTCAG
GTATAGGGAGGAGTTCCGAGCTGGCTGTAACCTCCAGTACAGCCAAGTGTCAAACCCCGAC
30 TGGAATTCCCTCCAAGGAGAAGAGTGACAACCCATCTCCATCCTCATCAAGGAAGGTGAAG
AGCTACGGTCAGATGATCATCCCCAGTAGGGAAAAGAGTTACAGCCCCACTGAAATGTCCA
GCAGGGTCAAGAGTTATAACCAGGCCAGCACCCGCAGCAGGCCGCAAAGTCACAGCCAAT
CTAGAAGCCCCAGAAGGTCAAGAAGTGGCAGTCAGAAGAGGACGCACAGCAGAGTGAGAA
GTCACAGTTGGAAGAGAAACCATAGCAGGGCAAGAAGTTCGACCCCGGAAGGGAATTCTGA
35 GCCAGATGGGAAGACACAGCCAGTCTAGAAGCCACAGCAAGGGGAAAAGTCAAAACCAAT
CTAGAACCCCCAGAAGAGGAAGAAGTCACAACTGGTCTAGAAACCCAGCAAGGAAAGAA
GTCATAGCCATTCCAGAAGTCCAGCAAAGAGAGAGATCACAGGGGATCTAGCAGCCCCA
GGAAGGAGAGTGGTCGCAGTCAATCAGGAAGCCCCAACAAAGCAGAGAGATCACAGCCGAT
CTAGAAGTCCCAACAAGGCGAGAGATCGCAGCCGATCTAGAAGTCCCTACAAGGCGAGAG
40 ATCGCAGCCGATCTAGAAGTCCCAACAAGGCGAGAGATTGCAGCCGATCTAGAAGTCCCTA
CAAGGCGAGAGATCGCAGCCGATCTAGAAGTCCCAACAAGGCAAGAGATCATAGCCGATC
TAGAAGTCCCAACAAGGCGAGAGATCGCAGCCGATCTAGAAGCCCCAGCAAGGAAAGAGA
TCACAGCCAACCTTGGAAGCCCCAGCAAAGAGAGAGATCACAGACGATCTAGAAGCCCCAG
CAAGGAGAGACAGTGCAGACAATCTAGAAGTCCAGCAAAGAGAGAGATCACAGACGATC
45 TAGAAGCCCCAGCAAGGAGAGACAGCGCAGACAATCTAGAAGCCCCAACAAAGGAGAGAGA
TCGCAGCCAATCTAGAAGCCCCAGCGAGGAGAGAGAGCACAGACAATCCAGAAGCCCCAG
CAAAGAGAGAGATCGCAGACGATGGAGAAGCCCCAGCAAGGAGAGAGAGCGCAGACAAT
CTAGAAGTCCAGCGAGGAGAGAGATCACAGCCGATCTAGAAGCCCCAATAAGCAGAGTG
GTTACAGTCGACCTAGAGCCTCCAGCAAGGAGAAAGCTCATAGCCGATCTAGAACCCCCAG
50 CAAAGAAGGAAATCATAGCCAATCTAGAACCTCTAGCAAGGAGAGCGACCCCAAGTCAATC
TACAGTCCCCAGAAGTCCCGACTGGAAGAGATCCCCTACTAGGACAAGCAGTCTCAGTCAG
AATAGAACCCCTAGCAAGACAAGCAGCCACTCCCCATCAACATTTCCAGTGGGGGCCAAA
CCCTAAGCCAGGATGACAGTCAAGCCGACGCCACCACCTCTAAGGCCACCTTACCTGGGGA
AAGGTCTTCATCATCTTCTTCCAAGCTGGCGTAGCCCCCAGTCTCAGCTGGCTCACGGGTCT

CTGTCATGACCGGGGAGGGGACAGGAGACAGGAGCAGAGCAGCAGCTGAGCAGCGTCCC
 TCCCCGGCCAGCTCTCCACAGCCACACCTCCGGCCACAAGTTCTCTAATACAGGATGTTGG
 CAGGTAGAGAGGGATGCTGGATAGGGGAAAGGAAAGACCTGTGATGATTCAATAAATTT
 TTACATAGCACCCATCCCCACCAAGCCCAACTGTGTGCTCACTGCTGGCATGGGGCACAGA
 5 GGACCCAGCTCTGTCCCTGACTGTCTACAGGGTCTTGACTGCAAGCCCTGCCCTCTCTAG
 GTCTTTTTTTTTTTGAGACAGAGTCTCTCTGTGCCCAGGCTGGAGTGCAGTGGTGTGA
 TCTCAGCTCACTGCAACCTCCACCTCCAGGCTCAAGCAATTCTCCTACCTCAGCTTCCCGA
 GTAGCTGGAACACAAAGTGTGCGTCTCACGCCCGGCTAATTTTGTATTTTGTAGTAGAGATG
 GGGCTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGGCTCGAACTCCTGACCTCAGGTGATCCACATGCCT
 10 CAACCTCGCAAAGTGCTGGGATTATAGGCATGAG
 CCACCGCACCCGTCCCCCTCTCTAGGTCTTAATTTCCGCATGTGGGCAACAAGGCTGCCTTC
 TGGTTCTTATTCAAGTGGGGTAGGGAGAGGTGACACTCCAAATATTCAACAGTGGGGACTGG
 TGTGGGCACCAATCAGAACTGAGAGTGGAGCGGGACGGATACCAGGCCTTAACCTTTAGT
 TGCTGGACCATGGGGAGGTCTGGGGTTGGGGAAGTGTTATGGGGAAAAAAACCCTCAA
 15 CTGTGTTTTCTCTACTCTCACACTATCACAAACATCATCAACACAGAATTCTGTGACCAA
 ATGTGTGGGGCTTTTTCCCCACACACTACACAGCAGACAACAGCTAGGTGTCCCCTCCGATT
 CCATTCCAACGCTGTCCCCACACCCAGCTAATTTTGTATTTTGGGAAGAGACAGGGTTTCA
 CCATGTTGCCAGAGCTCAAGCAATCTGCCCACTTCAGCCCTCCAAAGTGCTGGGATTACA
 GGCCTGAGCCACCACACCCGACTTTTTAAAAAATAAAAAATAAGGCCGGGCGCAGTGACC
 20 CATGCCTGTAATCCCAGCACTTTGGGAGGCGGAGGTGGGCAGATCACCTGAGCTCAGGAGT
 TTGACACCAGCCTAGGCAACATGGCAACTTGTCTCTAAAAAATAAAAAAATTACAAA
 AGTTAGCCGGTGTGGTGGCATGTGCTTATAGTCCAGCTACCTGAGAGGCTGAGGCAGGAG
 GATAAATTGAGCCTGGAAGGTCAAGGCTGCAGTGAGCCGTGACCTTGCCACTGCACTCAAG
 CCTGGATGACCATCTTACAAAAAATAATTTTGTGCTGGAGCTGCTCACAGAACTCAAGGA
 25 AATGCTTACTTAGATTTACTGGTTTATTATAGAGGATATTGCAAAGAACAAGATGAAGAG
 ATGTGTAGGGCAAGGTATAAGGGAAGGGGCAGGGAGCTTCACGCCCTCCCTGGGGTGCTAC
 CCTACAGGAACCTCAGGTGGTATAGCTATGCGGAAGCTCTCCAAACCCAGTCTCTTGGGT
 TTTTACGGAGGCTTTAAGACAGCAGCATTGGGCATGGACTTCTCTGAAAAGTGTCTTAAGA
 CCAACAATCAAGAAGGTGGGGAAGATTAGAGTCTTGCCCTGGGGCAGGAAATGGAGGGCA
 30 GGAGGAGGTCAGAGAGATTCTGTTTCTTCAGACCTGCCCCAGGCCTAAGGTACACAACATT
 ATAACAAGAGACTGTAACAAAGGCTGTAGGAGTTACCAGCCAGGAACTGTGGATGAAAAC
 CAATATATTTATATATATAATACCACAAGGGGGGTCCAAAGTGGCAGTTAGGGACAGGGAG
 TACTTGTGTAGCAGTGACACACCAACCCATCTGGAAGTATTTTAATATTTAAACAATTGGTA
 TGGCTATACTAGTTTGTGATTATCAGCCTTAGTTCTGTATCAATTGGCAAGATAGTGTCTAG
 35 GTTTGCCACACTCTAGCTGTGTAGCACCAAGCAAAGAAGTAACTTCTCTAGCCTGTTTCT
 TCTCTGGAAGAAAGGGGCTTCCAGGCCTTAACTCACGTACTCCCCATAACTAGACTGGGAA
 TTATCTCCTTTGTACAGATGAGGAAACAGACAGAGGTGATAAGTGAGTAGCCCAAGGTC
 ACCATCTGGTGAAGTGGATGAAGTGGATTGGAAGCCAGACCTTTTATAAAATGATTTCTCA
 GCTCAAAAGGTTTTTCTGAAGATTCAAGTAGGCTCACTGATAGAAATTGCTGGTGTGTGGCT
 40 GGTATTCCATCAAGAGTGGCCATTACTACTCCACCCCTGCCCTCTATAAACTCCAGATGT
 TCCAGACCTCTCATCTCTCCCTGTGCACACAAGGCCTTTTTACATCTGTGGGTCTTAGTACA
 CCCACTGTTGCTGTCAAGAATGTCCTCCTCCTCTTTTTTTTTTTTTTTTGGAGATGGAGTCT
 CACTTTGTTGCCAGGCTGGAGTACAGTAGCGCATCTCAGCTCACTGCAACCTCTACCCTG
 CATCAGCCTCCCTAGTAGCTGGGATTACAGGCAGCCACCACCACCATGCCCGGCTAATTTT
 45 TGGTATTTTGTAGTAGAGACAGGGTTTCATTATGTCAGCCAGGCTGGTCTCAAACCTCCTGACC
 TCAGGTGATCCATTTACCTTGGCCTCCAGAGTGCTGGGATTACAGGCAAGAGCCACCACG
 CCCAGCCCTCCTTCCCCCTTTTTGGCCTGGAGAACTCCTTTTACCCTTCAAAGCCCACCAC
 AAACATAAGAACCTCTATACTTCTTGGCCGCTGAAATACTGCCTCTGCCAGGAAGCCTTCTG
 TGACTTCTCTCTCTCCCTCTTACCAACGGACCGCCCCCGCCCCCAACCAACCCACCACAC
 50 ACACACACCACTACTGTCTTCCACTGTACTCCCTGACAGTAGAGAACCAAGCAGGGCCAGT
 TGATGCAGCCTCAGCTATATCTCTTACATGCCAAGGCCCATGCACTGGGGATAACAATGGTG
 GAAAATACATGGTCCCTTCAAAGTCTGGATGTCAAGTTAATGCTGGGGACTAAAGAGAAA
 AGCTTCAGATTGAAACCTGGAGGTGGCTGGGGCAAAGGACCATTGGCATATTGGCAGGGC
 AACTTCCTAAAGAAAGCACCTAAATCTTGGCTTTTAAAGACAGATTTTATAATTGGCAGAG

GAGAATTCTAATGATACCCTATTGCCTACAGGGCCCCATCTAATTTGGGAATTCTACTTTAT
 ACCAAGATAAGATTGCCAGATTTAGCAAATAAAAAACAGAAGACATCCAATTAATTTTTTTG
 TTTGTTTTTTGGGTTTTTTGTTGCGGAGATGGTGTCTCACTATGTTGCGAAGGCTGCTGTCAA
 TTCCTGGCTCAAACAATCCTCCTGCCTTGGCCTCCCACTTCCCAAAGTGCTGGGATTACAGG
 5 CATGAGCTACCAACACCTGGCCCTTATTTATTTATTTATTTAATTTTTCTTTTTTGGGACGGAGT
 GTCACCTCTGTGCGCCAGGTTGGAGCGCAGTAGCGCGATCTCGGCTCACTGCAACCTCTGCCT
 CCTGGGTTCAAGCGATTATCCTGCCCCAGCCTCCCAAGTAGCTGGGACTACAGGCGCGTGC
 CACCATGCCCCGGCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGGAGACGGAGTCTTGCTCTGTGCGC
 CAGGCTGGAGTGCAGTGGCACGATCTCGGCTCACTGCAAGCTCCGCCTCCTGGGTTACAGC
 10 CATTCTCCTGCCTCAGCCTTCCGAGTAGCTGGGACTACAGGCGCCTGCCACCACGCCCCGACT
 ATTTTTGTATTTTTAGTAGAGATGGGGTTTTACCGTGTTAGCCAGGATGATCTCGATCTCC
 TGACCTCGTGATCCACCCGCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGGGATTACAGGCGTGAGCCACC
 GCGCCCAGCCTACTTATTTATATTTTTTTAAGAGACAGGGTCTCGCTCAGTTGCCCGGCTGG
 AGTGCAAGTAGGGTGATCTGTAGGAAAGGGGCTTCCAGGCCTTAACCTCATGTACTCCCCAT
 15 AACCAGGTTGGGAGGTTAGCTCACTGTAACCTCAAACCTCCTGTGCTCAAGGTACCCTACTA
 GCCCCTAGGAGAGCAGCTGGGACTACAGGTATGCGCCACCATGCCAGGCTTAATTTTTACT
 TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGTAGAGACGGGGTCTCACTATATTGCCAGGCTGGTCTTG
 AACTCCTGGTCTCAAGCGATCCTCCTGCCTTAGCCTCCCAAAGTATTGGTATCACTGCAACT
 AGCCCAAAGAATTAATATAGCTATGTTCCATGTGATATTTGGGACATACTTTTCTAAAAGGT
 20 TGTATCTTTTGGATATAATTGTTTATCTGAAATTCAAATTTAACTAGACATTGTATATTTTAT
 ACGGCAACCACACACCTGGGACAATCAAGACATTCCCTGAAGTTACCAGGAGACAATGCC
 ATCAGCCTACACTTTTCCAAGCCCACGTACACAAGGCCCTTCCAGAGTATTCCAGACGTC
 AGGTAGGGCCATCCCTTGGTTCACAAGTCCCACTCCTACCACGCCTATGGCAGCCAAACTG
 AAAGGCAAACACAGTGCTGGAGACCCACAATGCCCTGGGCCTATAGCAGTCAATTCCTCAA
 25 GATGCCCCGCGTGAACACAATAAGGCACCCGTTCCAATGCTCGAGCAAAGAGACCAGGGCA
 AAACCTTCCACTACGGGACAATAACGGCCAGTTCCACAATTCGTTGTGGCAGTTCTTCCCA
 GGATGCCTTAGGCCTATAGCGACCACCTTCCAGACTCCCCGTGTGGAAGCGCTCCAAGCC
 TCCAGGACGGTCAGCGGCAGGTGTGGGATAAAAGGAACCGGTCTCGACAAGGATCTGGGA
 CACTCTTTCCAGGATGCACACAGGCCTACGACTAGCGGACCGACTCCCACAGCGCTTCAAG
 30 GCGGAGCGCTCGGTTCTCCCAGGATGCCCCAGGGCGGCACAAACGCGTAGGGGGAGAAAA
 AGAAGCCCTCGGGTACCACGGCCCCAGACCGCCGGCTCCCCGGTGACGGGAGTCGTGCT
 CCCATCATGCAGCGGGGCCGTAGCGCCCGCTTCCCGGCATGCCTCGCGCACCCCTGCCCGG
 GACACTACCGGGCGCCGGCGGCCCGCTCCGGCTCTGCGGCGGCGGCTGCACGCCAGCC
 TCTGCGCCTGCGTCGCAAGTAGGGTAGGACAGCGCGCAGGGGGCGTGAAGAGCCTAGGGC
 35 GCTTGCGCGGCGAGACGGACTAGTCCTGTAGCGCTGTGGGAAGAGGGGCTATGCGCGTCGG
 GCCGTGACGAGACCCGCGCGGGGGGGCGCCGTGCTTTGCCCTCGCTGCCTGGGTTTACTT
 GGTACAGCCCGCGGCCCAAAGGAACAAGAAGCTGAAGGGTTCGCGCGTGCCTGTGCGGGG
 CAGGAACGCGCCTTACAAAACCTGGGATGCGCTGGGGGTGGAGGGCGCTAGTTTCGGAAGTGG
 ATCCTGGGCCCAGAGCCTGCTTATTTGCATAATCCTAGCGCGGGACAATGAAAGGCCTCCC
 40 GCACTGGAAGGAGTGATTTGCATATTCCTCGGAGGGGGCCTTACTCCAGAGCGCAGTGATTA
 GCATATGGCGGGGGCAACCTGAGCAAAGCGCATGCGCGCAGGGACTGCAGACTGACGCGA
 AGTGGGTAGCCTTGTCTTCGTAGGGGATCAGTTTGCATC
 CTGAGAGAGGGCACGAGGGCCAGGACCCCTCCCAACCAGGATAAAGGTTTATTGATCTCCT
 AGGTGTCAGGCCCCATGCTGGCGGATTCTGTGGTTTCTGCAGTGAACCATACTCCTGTACTC
 45 ACGGCACCCAGTCGAAGGAGATACGCACCTAATTAGACAATACTACCAGAAGGTGAG
 ACCTGGAGTGAGGAACACAGGGGGCTGTGGGAGCCTAAGAGGCGCTTGGCCCGGCCTCTG
 GTTCTAGAAAGACTTCCAGGAGGTGGTGATCCTTAAGCCAAGTACGAATAGGAGCCAACTA
 GAATGGGAATGGGTCTGGCAGAATGAACTGCAAGCGCCAAGGCCAGAGGCCAAAAA
 AAAAAAAAAAATAGAAGCGCATGTTTTGATTGAGGAAGCAAGAGCAGCTTAGTATGCCTA
 50 GAACCTAACTGGAGACGGGAAATGGTTCTATAGACGATGTTAGAGTTCAACTATGGCTACA
 TTCCAGTCTTCTGTAAAGTGACTTTGTACATTCTGGCTTAAACTCCCCCAAAGGGATCCC
 ATTAGGAAAAAAAAAAAAATCCAAAAATCTTTATCATGGCCTCAGGGCTATACACCTGGTCT
 GGCCGTGCTTATCTTTCTGACCCACCTACTTCCTCCTCCCTCCATTTCTGTCCAGCTCCACC
 TTACCCCAAACCTCTTACCAGCTCGGGCCTCTGCTCTTGCCGTTCCTCCGCTGAAAATGC

50

CACACATATGATCAGAAACACCAGCAGCGCCAGGATGCCGCCACAATGGCATAGGGAAC
CGACGTCTGAGCCTCTACCAACCGCACCAGGGTCTGCCAGAGGGACACGGCACAGGACCAG
GTCATCAGAGGACGATCCCAAGTCTGGCCCCATCGCTGCCAAGCTTTTAAGCCATTCTGCAC
ACGTCTAACCGTGCCCTTTTATGTGCCACACCCCTCAAAAATTACTGCCACCTTGTAGTCTC
5 TTCTCTTTCCAGATGCTTGTGGTTTGTACACTGCCCCGACCCCTCCCCTGAGTCATGTTACAT
TTTCTTTTCTTTTCTTTGTTTTCTTTTGCAGAGACGGGGGTCTCACTATGTGGCCCAGGCTG
ATCTTAAACTCCTGGGCTCAAGCGATCCTCCGGCCTAGGCCTCCCAAAGTACTGGGATTAG
AGGCGTGAGCGACCCGACCCAGCCATCCCTTTTCTTTTGACTCAAGTTTCTTCTCCACTAA
GAAACAGAGTCCAAGAAACAGGTCCAAGTCCCTTCCCACCTTGTCTAAAACGCTCCAAGTA
10 TTTAAAGTGCTGGGCCCAACTACCAAAATTTCTGCCCCACCGTCATAGAGCTAAACACAGA
ACAGCTGTGTGCTAGAGCCCATTCCAACCACCTTACATATTTAGTTCACATAATCTTCACAA
CAGCCTTGTATATAGGTGCTATTGTTTATTTCCACTTTACTGATGGGTAAACTGAGGCGCA
GACAGGTTCCGTTACCTGCAATAGAATGCAGCCAACCCGAATTTGAGCCCCGCGGGCCAGT
CTGGTCCCAAAACAAAAGAAGTCTGTTGGCTGCCGAACCCCTGAGTTATGTGGCCTCTTT
15 GCTCAAGCCCCGCCCCCGCCACCTGGCGCCCCGCCCCGCCCCCTCAGTCGGCCGCGAGCCTGC
TCTCACCGTAGACCACAAGTACGTAGAGCGCCCTCGCATGGCCGTGCTTATTGGACGCCTC
GCAAGTGTAGGTGCCGTTATCCGCGGATACCAGACCCGGCAGCGTGAGCGTCTCTCCACG
GCCTCCGCCCTCTCCGGCAAAGACTCATTTCCCGCGGTTCCAGCGGATCT
GGTTTGGCCTGGGTGGGGATAAAGTATAGTGAGAGTTAGGAACCGAGGTGCCAGCACCCA
20 ATTCTGACTTGTCAAGAATCTAGACATGCAACTCTCATCCCGCAGGGACCTCCAAATAAGA
GGCTTCCTGCTATCTCTTTCTTTCTGGAAAACCAACAGTCCTGGGCCTACTTCCACCCATC
ACCAAGGTCTCAGGAATTCTAGCCAGGCTGAACATGGTGGCTTATGCCTGCAATCCACAGC
ACTTTAGGAGGCTGAGACGGGAGGACTGCTTAAGGCCAGCAGTTCCAGACCAGCCTGGGCA
ACACAGGGAGACCCCGTCACTACAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATTCTAGC
25 CCTCCCACGCCATTCCATCCTCAGCAACCAGGAGTCTGAGGCTGCACAGCTTCAGTATTGG
GGAGTCTGAGCCTCCAGATTCCTCCTCCTCAGGATCCAGGAGTCCAGGTCCCAGATCCCT
ATTCGTCCAGGTCCCCAGCTCTCTCCTCCTCAGGACCCAGGAATCCAGGTCCCTAGCTCCCTG
TTTGTCCAGGTCCCTCAGCTCTCTCCTCCTTAGGACCCAGGAGTCCAAGTCCCTGGTCCCTGT
TCTTCCAGGTCCCCAGCTTTCTCCTCCTGAGGACGCAGGAGGCCCCCAGAGCTCACCTGGG
30 GTTCCCCGTGACAGCACACGTCAACACCAGCGTGTCTCCCTCCCTCACACAGCTTGGGAG
GCATGAATCCGGGGCCGTGGGGGAGTCTGTTAGGCAAAAGTAAGAGGAGAGAGTAGTTTCC
AAGCCATCACGCAGGACAAGGGGGACCTCGCGGGTGCGGGTGGCTGGCGTTGGGATCCCT
TGGGTCTTGGCCCCGCGGTCACTTACACTGCACATCCAGCACGTAAGTGCCTGCTTGTCTGT
GTCCGGAGGGCAGCGCCTGGTTCTGCGCCTCAGATGATGATAACCAACCGTCGTCCTTACG
35 GTCCACAGAAACCGTACTGTGCTTGCCACGCTCCAGACCTTGCCATTTTCTGGCTGTCTGC
TCACTCCTGCCACACCCCGGTGAGACACTGTGAGGCCACAATTCCGGCTCCATCCACCCACC
CACCCGAGCCAACGCCAAAGCAGGCTATTTGCCAAGCTCCACCCCTTACCCACAGGCCCCCG
CCTCTTGTCTCCAAGCTACGCCCCCTCCCTAACCAAGCCCACGTGCCTCCTCCCAAAGCTC
TTCCCTCTTTCACGCTCATGCTTCTCGTCTATCAATCCATTTAATTGCTATATATAAAAA
40 CATAAATTTATATATATACTTAGAGACAGGGTCTCACAATGTTGGGCAGGTTGAACTCCTG
ACCTCAAGCAATCCTCCCATCTCAGCCTCCCAAAGTGCTAGGACTACAGGC
GTGAGCCACCGCGCTCGACATCAACCACTACATATTGAATGTCCAGTGTCTGTGAAAACCT
GTGGTCTCTCTCCACATATAACAACCTCTCCTAAGTCCCACCTCCTCCCCATCCCTTGTCA
GCACTCGGCCCAGGGTACCTTTCAGCTCCTTGCGGTCCCGGTACCAGCGCAGGGTGGCAGC
45 CGGACGGGACCGCGGAACGAGGCAGCTGAGCTCCACCTCGCCGCCCTCTACCGCCTGCTCC
CGGACCTCCACCACAGGATTCTCTGGGGCCACTGCCGCAGGGAGAAGGGGAAGTAAGGGGT
TAAAGAAGGCACGAACGTGGGCTCAAAGCGATCGAGCTGCCTGTTCCCAGCGACCATAGG
GAACCAGGGTCCCAGGTGGCAGGGGTCAAAGGGGAGAGGTGAGGAGCCAGATGCCCATCC
AGGATGTTAAAAATAGCCATGGTCTGAAAGTCTCAGGAGAAGAGAGAAGCAGAGAAGAAA
50 GGAGGAGAGGATGCGTCTGACAAAGGGGAGGGCGTTACCTAGTACCGTGAGCGTGGCAAT
CTGGTGGTGGGTGTCTTCTGTGTAGAGCTGGCAGAAATAGCCCCCTCGTCTCCAGGCGG
GCATCTGAGAGCCGGATCCGCACCCGGCGTGGGGAGAACTCCTCAAGCTGGAAACGCTCAT
CCTTCAAGGCTAGAGAGAGTGAGGGGGAAGGTGTGAATTTCCGGGAGTCTGGCCTCACAAAG
TCCCACCTTCCGACAGGAGCTTAGAGTCCAGCCCTCTGCCTCTTTTCTCCAGCCATATCTA

TGAGTCTGAGGTGTCCAACCTATTTACTCCCTTGAGGACCCAGCATTATTCAAGTCCTCCTGC
 CTGCAGGACCAGCAGTCCGGGACCCCAGCCCTTTCTTCTCCGAGACCCAGGAGACCAAACCT
 CTCAGGTGTGTCCTCTTTTCAGGACATGGGAGCCTGGGCCCCAGCCCTCTCTTCTTTAAGAC
 TCCTGAGTCTGGTCCCCAGCACTCACCACGGGTGCCATTGAAGAAGAGGGTCTGCCGGGCT
 5 GGGTCTGGATGACAACTATGGACCCATCATACTGGTGACAGCGGAGGTGATCTCAGCCA
 CCCCACCTCAGCCACTGTCACGTTCTCTGTCTGTACTTCCTGTCTGCCCCCTGGACGATTA
 GACAAAGAGACAGGATAGAAGACTTACTGAGAGCTGCAATTCAATTTTTCTTTCTCCCTCT
 TCCCCATCCAAACCTCCAATCCCTCTCTTTCCCTCATTCAATCCATTGCACTGAACATTTCC
 TGCAGGCTAGAGTCCAGGACAGGGAGGAAATCTGCTCCCTACTCTAAAAGAGCTGCAGTCA
 10 AGATTTAGTAGAATATGCTCTAATGAGGGCAGCACAGGGCACACTAGGAGCCCAGAGCAA
 GGGAGGACTATTATAGAATTGCCTAGAGAGATGGGTAGCCAGAGAGGGCTCTGCAAGAAA
 GCTCCATTGGATCTGGATCTTAAAGAGTAAGCAGGAGGCTGAGCGCGGTGGCTCATGCCTG
 TAATCCCAGCACTTTGAGAGGCCGAGGTGGGCGGATCGCAAGGTCAAGAGATAGAGACCA
 TCCTGGCCAACATGGTGAAACCTGTCACTACTAAAAATACAAAAAATAAATTA
 15 GCTGGGTGTGGTGGTGCGCACCTGTAGTCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGCAGGGGAATC
 GCTTGAACCCGGGAGTTGGAAGTTGCAGTGAGCCGAGATGGAGCCACTGCATCCAGGCTG
 GGCACAGAGCGAGACTCTGTCTCAAAAAAAGAAAGAAAAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAA
 AGTTACAAAGGTGTGGGAGACTGCTGTGTGTTTACCAAGCCTCATCTTTACACCTGGGCA
 CATGTTGTAGCCCGTTTGCAAAGATAGCCGTAATATTCTCCTGTCCCTGGACATGCCCTTTG
 20 CAAGTTGATTTTGCCATTCTCCCATTTGAGAAGGCACTTTGTCCCCTACTAGTCTGGGTAAG
 CCTTGAGAGTTGCTTTGACCAATAGAATTTGCTAGAAGTGATATTGAGCCTAGGCCTGAAG
 AGGCCTTGAGCTTCCACTCCTGCCCTAAGACTGTTGCATGAAGATACCCAGACTAGTGTCT
 TTGCAGATGAACAATCATGGTGAAAGAGAAGCCAGCCGGCAGCCAGCACCAATCGCCAG
 CTGTGTGAGTGTGGCCATCCTGGATCATCCAGCCCCAGCTGCCCCACCAGCTGACAGCAGC
 25 CACACAAGTGACCCAGTTGAGACCAATAAAAGATCTGCCCATCTGATACAGCCCAAACCTG
 CTGAACCCCAAGATCATGAACAAATAAGGTGGTGGTTGTTTAAGCTCCTAAGTTGTGGGT
 GATCTGTTCTACTGCTAAAGTTAACTGATACAATACATAATTAGGCTATACTTCCCAGCATC
 CTTTATAGTTAGGTGGGGCCATGTGACCAATTCTGGCCAATGGGATGTAGGTGGAAGAGAA
 ACACCTCTTGCAGCCTGAC
 30 CCATCTCCCTCATAATCCTTCACACTGGCTGAACAGAGAGGACTCCAAGGAGCCTAGAGGA
 GGGCAGAATCACAAGCCAGAAGGAACCTGGGTCTCTAACTGACTGTCCCCCATGACCCGCC
 TGTATAGGACTGTGATATGAGCAAGAAATATACCTTTTGTAAAGCCATTGAGATTTAGG
 GGTGTCTGTTACAGCCTTTAACCTACCCTGATTAATCCATCAGAAAAACAAGGTGGGGAAT
 CTAGAACCATCAGAGAAAAGCATTTAGGAAAGCTGAAAGCCAAGACTAATCATCAGCATT
 35 AATATCATCATCTGTTGTCTTCAAATAACAATAACCCCATAGCTACCAATTATTAGGTAC
 TTGCAGTGTTAGTCCCTGTGCTAAGGGCATTACCCATATAACTTACCTTAATCCTCACAAT
 CCCTGTGTAAGGTAGACATGATTATTATCATTATTATTATTTTGGGACAGAGTATTGCT
 CTGTTGCCAGGCTGGAGTGCAGTGGTGTGATCTCAGCTCATTGAAACCTCCACCTCCCAA
 GTTCAAGCGATTCTTCAGCCTCAGCCTCCCAAGTAGCTGGAATTACAGGCATGCACCACCA
 40 TGCCGGGCTAATTTTTATTTTAGTAGAGACAGAGTTAGCCATATTGGCCTGGCTGGTCTC
 GAACTCCTGGCCTCAAGTGATCCGCCTGCCTCAGCCTCCCAAAGTCCAGGGATTACAGGTG
 CGACCCACCGCGCCTGGCCAATTATTATTATTTTAAATTTGAGACAAGGTGAGGCTGGA
 GTGCAGTGGCACGATCTCAGCTCACTGCAATGTCTGCCTCCCAGGCTCGAGTGATCCCACCT
 CAGCCTCCCCAGTAGCTGGAACCTACAGGTGCACAACATCACACCTGGCTAACTTTTGTATTT
 45 TTTTAGAGACGGAGTTTCACCGTGTGCCCAGGCTGGTCTTGAACCTGCGAGCTCAAGTGA
 ACTGCCTGCTTCGGCCTCCCAAAGTGCTGGGATTACAGGCATGAGCCACTGTGCCCGGCCT
 GCGCTATTATTATCCCCATTTTGGCCGGCCTGCGCTACTATTATCCCCATTTTCCCCCATTTT
 CATTTTCTTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGGAGACATTGTCTTGCTCTGTGCGCCAGGC
 TAGAGTGCAGTGGTACGATCTCGGCTCACTGCAACCTCCACTTCCCGGGTTCAAGCAATTCT
 50 CCTGCCTCAGCCTCCCAAGTAGCTGGGATTATAGGCACCTGCCACTGCACTTGGCTAATCTT
 TGTGTTTTTAGTAAAGACGGGGTCTCACCATCTTGGCCAGGCTGGTCTGGAACCTGACCT
 CGTGATCCACCCGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGGGATTACAGGCTTGAGCTATCGTGTCTT
 GCTCCCATTCCCATTTTATAGGTGAGAAAATTGGCCACAGAGATGAAATGACTTGCCCAA
 GTTACAGCCAAGAGTGGCAGTGCCAAAATCTTCGTCCAAATCTCTGATTCTGTATCCTGAA

TCTGTATATCCACTCCTGGCTGTCTGGATTAAAGTGTCCATCATTGGCAGGGGGTGTGAGAG
 CCGCTTGTGATGGGCCTCGAATGCCAACCTAGGAGATTTGCTTTCATCCTAAGGGCCAGTG
 AAGGTTTTGAAGCAGGAATATGCCATGATTAGATCTGGCTATTTGTCTTTAAGTGCTGGATA
 ACTATCCATGTCTTTTACATTCAAGGTGCTGGGTGCATTTCATTGAGGAGTATTTCCCTGAGCA
 5 TCACGTAGGTTTTTCAGGGGCTGAGTAGTCAGAGATGAGTTAGATGAGGTCCCTGCCCTTTA
 AGATTTATGGGAAGGTAGGAACCAATCACGGTAATCAAAAAGTGTTATGTGGCTGGGCACGG
 TGGCTCACACCTGTAATCCCAGCACTTTGGGAGGCGGAGGTGGGCGGATCACAAGGTCAGG
 AGTTCGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAAACCCCGTCTGTACTAAAAATACAAAAATTA
 GCCAGGTGTGGTGGTGGGTGCTTGTAAATCCAGCTACTCAGGAGGCTGAGGCATAAGAATC
 10 GCTTGAACCTGGGAGGCAGAGGTTGCAGTGAGCCAAGATCGCGCCACTGCAGTCCAGCCTG
 GGTGACAGAGCAAGACTCCGTTTCAAAAAAGAAAAAAGAAATAAATAAAAAGAAA
 GTGTTATGTTTTCTGTAAGAGGGTAGGTAACCTAATTTGGAAGTTGAGGGGTAGAAAAGAT
 TATTTCTGGGGGATGGAGACAGAGACTTCTGGCTTCTCTATTCTGACATCCATTTTTCCCTTT
 CTCCTCAGTAAAAGAAAAGAACACTGGTTGTATTTATGGTTGCACTATGTCCAGCAGAAA
 15 AAGGCATTCCTCAGTCTCCTTGACGAAGGTAAAGCCATCTGATAAAATTTGTCCAGTTGG
 ATATAAGCCAAAATGTTGCGTGACAATTTTGGGAGGACTTCTGAAACAGGTGGACAAACC
 CTTTTCTACTGAGTCACCTTTGTGCCACCTGAAGTAACAGTGTGACCGGTGGAATTTAGG
 CAGCCATATTGAACCATGAGGACAAGAGCAGTGGGGATGGCGGAACCAAGAGCTGGAAGG
 TGCCTGAGTCTCTGGTGAAGATGTGGAGCTGCTGTAACAGCCCTCAACTCCTAGTTCTGGAC
 20 TTCTTTTATGTTTTAGTGTAACGCTTTGGGTATTTTTATTTTTTAAATTTATTTTAGAGATGA
 GGTCTCACTATGTTGCCTAGGCTGGACTCAAACCTTTATGCTCAAGCAGTCTCTGCCTCA
 GCTTCATGAGTAGCTGAACTATAGCACTTTGGGTATTTAGCCACTGTTTGAGGTTTTTCT
 AGCACCTCCTGGAATATCAAGCTTAACATGTCCAATCCTTGCCCCAGATATTTTCTCCCCA
 AATTTTCTCAATCTCAATAAATGTCAACCACCATCCACCTGGTTGCTCAGGTCAAAAACCTAG
 25 AAATCATTCAAGTTCTCTCCCTTTCCCTCATCCCCAATATCCATTCCATCAGCAACATCTGT
 CCATTCTACCTCCAAGACATATCCCAGATCTCATCACCTTTGTCTGCCTCTCCTACCCCTACT
 CTCATCCAGCATCATCCCTCACCTGGACTCTGCAAAAGCCTACTCGTGGGTCTGTCTGCATC
 CCTGTCTGCCTCCTCCAGGGCCATTCTCCACCCAGTGGCCGGATCGATTTTTCAAAGAGGTA
 AATCAGATCAATTCACCTTTCTGCTTAAACCCCTCCGAGGGCTGCCCCGTAACATGTAGAAT
 30 AAAATAGAGACCCCTTCCCGGGGACTTCAAGGTGCTATATGGCCTGGCCCTTGCTGACCT
 TACTTCACTCTGGGCTCGCTAGCCTTGCTGTCCCTCAAACATGCTGAGCTCGCTCCCACCAC
 AGGGCCTTTTCCCTTTTCTTCTTCTGCCTGGAATGTTCTTCTCCCCACCTCCCAAGCCCCAT
 CTTCCAGGGCTGACTCCTGTTCCCATTTGGGTCTCAAATCATATCAGTACCTTCTCAGAGA
 GGCCTTCCCTCACTGCTCATCCCTTACCTTTAGAACACTTTCTTTTCTTTAAGAGACAAA
 35 GTCAGCCCAGTGCGGTGGCTCACGCCTGTAATACCAGCACTTTTGAGAGGCCAAGGCGGGC
 AGATCACCTCAGGTCAGGAGTTCAAGACCAGCCTGGCCAACGTGGCGAAACCCCGTCTCTA
 CTAAAAAAATACAAAAATTAGCTAGGCAGTGGTAGCCCGGGCTACTCAGGAGGCTGAGGC
 AGAATTGCTTGAACCCAGGAGGCAGAGGTTGCAGTGAGCCGAGATTGAGCCACTGCACCCC
 AACCTGGGTGACAGAGAGAGACTCTGTCTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGACAGGGT
 40 ATTGCTCTGTCACCCAGGCTGGAGTGCAAGTGGTGCAATCATGGCTCACTGCAGCCTCGAAC
 TCCTGGGCTCAAGCCATCCTCCCACCTCAGCCTCCTAAGTAGCTGAGATTATAGGCTCCTCC
 CACCACCTGGCTAATTTTTGTGCTTTTGTGGAGACACAGATTCTCCATGTTGCCAGGC
 TGGTCTCCAACCTCCTGGGGTCAAAGGATCCTCCTGCCTCGGCTTCCCAAAGTGCTGGGATTA
 CAGGCGTGAGCCACTGCGCCTGGCCCAAGAACACTTGCTATTTCTCACCATTGCTTTATTTT
 45 TTCTATGAAGATTTCACTGGAA
 TTATCAGATTAATTTGCTTATTTGTTTACTGTCTGTTTGTACCCCATGACTGGAATGTATACT
 CTAGGAAGGCAGGGATATAATCCAATGGGTTTACTGCTGCACCCCTAGTACCCAGAAGAGT
 GCTTGGCACCTGATAAGTGTCTGGGGAACCTTGCTACATGAATTACATGTGTGATGGGAT
 ATCTGTTCTGCTTTCTTCTCTCTTTTCTTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT
 50 TCTTTTTTCTTTTTTTGAGATAAGGTCTCGCTCTGTCAACCCAGGCTAGAGTGCAGTGGTGCA
 ATCATGGCTCACTGCAACCTTGAACATGTGGGCTCAAGCGATCCTCCCACCTCAGGCTACC
 AAATAGCTAAGACTACAGAGGTGCGTAGCTATGCCAGCTAATTAATAAAAAAAAAAATTTT
 TTTTTTTTTTAGAGATGGGGGTCTCAATATCTTGCCAGGTTGGTCTTGAACCTCCTAGGCT
 CAAGCAATCCCCCTGCCTTGGCCTCCCAAAGTGCTGGGATTATAGGCATGAGCCATTGCAG

CTGGCCCAGACAGAATCTCATTTCAGCCCCGACAACTTTGTGACATCATTATTTTCATCTTAA
 ACACCTAGGTTGATCCCAGCTCAACCACTTGCCATCTGTGTGACCTGTGGGCAAGTGACCTT
 ACCTTTCGGAGCCTCAGTTGCCCATCTATAAAATGGGAATGATGCCAGTGCCCTGCCTCATA
 AGGATGAGCCCCGCTCCTGAAGCTCAGGGAGCCCTCTCTGCAAGGCTGTTTTAGTGCAACC
 5 TCCGGAAACATGCCCATGCATGTGAAAACCTGGCATGCACATTCTGGTGCTTTTAAAAACAT
 CTCGAAGCCTATCCACAGATCCTGGACCTCAAGACTGGTTCAGTGCTAGCCCCCATTTTAC
 AGATGTGGAGAATGAGGCTTAGCGGGTCCCAGGCAAGTCAGTGGCAAACTCACCATCTCC
 TGGGAGCCATCAGGTTCTCTGGATCTGCCCCACCAAATTTATCCCCTGCTCTCTGCTTGA
 GGGTGCACATGGGGTGAGGGTGGGGGTCTTTTGTTTTACTCCCTCCCCCTCCTGAGGAGTCA
 10 GTAACCAACAGTGTCTGTGCCTGGAATATTAATGTCTCAGCAGCTTTTGTGGGGGTGG
 GGTGGTGGGGGCGGGACTTTCTGGTCAGAGAGGGGCTGAGCTTGGGGACTGAGGCACTG
 GCCCTTTAACTGTGTTGACAGCCAGGAGTCGTATGGGGATGGTGCTTGGAAAAGGGGAC
 AGGGAGGGTTTGGGAAAGAGTGGCGGAGCAGGTAATGCGTAAGACCCAGGAATCCAGCCC
 CCAACTACCTCCTCTCCCAGGACCCAGGAGTCTAGGCTCCCAGC
 15 CCCTCCTCCATCAGGTTCCAGGAGTCTGGAACCCCGGCTTCTTTCCGCCTTAGACCCAGGAA
 TTCAGCCCCCAACCACCTCCTCTCTCAGGTTCCCGAAATCCAGACCCCTAGCCCCCTTCTCG
 ATCAGGACCCAGGAGTCTGGGCTGTCAGCAGCCCCCTTCTTCAAACCTAGGAGTCAGAGCC
 CCCAGCCCTCTCCTAGCTTAGACACAGGAGTCTGGGCCTCCAGCCCCCTCCTCCTCAGGAC
 CCAGGAGCCAGGGGTCCAGAGTACACAGCTGGTGGATGTTTCCACGGAGACTAAGCAGGG
 20 TGGGGGGGAGCGCTTCTGGGTCTGAGTCAGCGAATACCCAAGGGAGTCTCAAGGTCATAG
 TTCCGGGAAGGTACCAACACCCCCCTCTGTATCCGCTCCCCAGGGGGCTCCTGGCATCCTGC
 CTCTTCCCCCTTCTCCTTAGGGAGGTGGTACATCCCTGCGTCTCTGACTGAACCCCCCTC
 AGCCCCCATCAATGGCGGAGTCCGAACATCCTCGCACAAAGCGTCAATTCTTCCCCAGCT
 CAGCCTTGTGAAGGCGCCTGTATTTCGAGGACCTAGGCGTCAGGGTCTCAGCCCCCTCCTCC
 25 CTCAGAAACCTGCAGTGGAATCCCCCGCCTCCAGCCCCCTTCTCCTCAGGACCCAGGAGT
 CTGTATCCTCATCCCTTCTCCTCAAGACCTAGGAGTGTGGACTCCAGCCCCCTTTTCTCCT
 TCCGGACACAGGAGTTCAGCCCTCGGCCCTCTCCTCTCTTAAACCCAGGGGTCTAAGACC
 CCAGCCTCCTCCTCCCTCAAACCTCAGGAGTCTAAGATCCCAGGCCCTCCTCCTCAGACTC
 AGGAGTCTAAGATCCCAGGCCCTCCTCCTCAGACTCAGGAGTCTAAGACCCAGGCCCTC
 30 TCCTCCTCAGACTCAGGAGTCTAAGATCCCAGGCCCTCCTCCTCAGACCCAGGAGTCTA
 AGACCCAGCCCCCTCCTCCTCAGACTCAGGAGTCTAAGACCCAGGCCCTCCTCCTCAG
 ACTCAGGAGTCTAAGACCCAGCCCCCTCCTCCTGGACCCAGGAGCCTAAGACCTCAGCC
 CCCTCCTCCTTGAGACCCAGGAGTCTAAGACCCTAGCTCCCTCCTCCTTTAGACCCATTAGT
 CCAGGCCCCCAGACCCTCCTCCATCAGACCCAGGAGTCCAGGCCCCCAGCCCCCTCCTCCAT
 35 CAGATCCAGCCCCCTCCTCCTGAAAACCTTTTGACTCTAACTCCCCAGTCTCAACCCCTAG
 AAGCACAGTCTGCTTTCTCTCAATCCTCTGTCCCCTCCCATCTGGGGACCTAGGCATCAGG
 TGGGGGGGTAGGGGTGAGTCAGCAACCTCACACACAAAGTCCCCGCTGTGGCCCCCACATT
 CCTGGGATATTGCGGACTCCCTGGATTCCAGGCCTCAGGCCAGCCAGGGAGTGGGG
 AGTCCCCCAGAGGTCTCCTGGGTGTGGGGTACGAGAGGAATTCTGCTCCGGGAAGGGT
 40 GCAGGCCTGCACTGAGCTCCCTCTGTCCGAACCTCCACGCCCAGTGCCCTCTATTACCCCC
 TCTTCCCAGAAGAGCCCAGGCTCAGCACCTGCCCTTGCCCCACTGGGTGCCACGGAGGA
 GCCTGCGTGCCTGCTCCCTATGGGCCTGGGGTCTGCACAGGCGGAAATCAGTGGGTGCTTC
 CGTTCTGATGCCACAGGCCATTGGATGCTGGCGGTCTGACTGTCTCCAGGCCACCCCCCA
 CCCCTCCCAGAGAGAGAAAGCTGCCTTTGTGTTCTCCAAGATGGGGACAGGCCAGGCTCGC
 45 ACGACATTAACCCAGCCTTAGGCCCCAGCCCTGCTGTGTCTAAGGTCTTGGAATCCACTGC
 AGAACCTGACCCCCACCCCCAGGCTCTGGGGACACAGGCGCCTGGCTCATGGGTGGGTGGG
 TGGGGGGGTGAGTGATAGAAACCTCCAAAACCTGTTCTTGGGGTGAATCACAATGGAGGG
 AGGGTCCCCCTATTCTCAAGAGTGGCTGGTCAGAATTTTAGCAGGAAAAAGTGAGTCACCC
 TGGGAAGGAAACATTATTTAGGGACCAACAACCTGCCCCCTCCACAAGACCCCTCAACTCCT
 50 AATAGCCTCTCTATTCTTTCTTTGTATTGGATATCTGTTTCTCTCCTCTTCTGTTCTACCC
 AGTTTCTGGCTGCGGGTCCCATTCTGCCTGGGTGCATCCCTGGGCAGGCAACCCATCCCTC
 CCTCTTGCTTTCTCTCCTCTGCCACCCCTGGATCCTTCTTGGGCATAAATCTCATCTTCTC
 TGCTATGCTCAGAAGATGAATGAACAGGAGAGAGAGAACATGTTTTTAAATGGCGCAA
 ATGCACCCCATCTCCCCGATTCTGCTGGCTGGGCAAGGTGAGAGAGGAAGAAGTGACTA

AGAGAGAAATGTGGGAACAACAGATACCCCCTAAAATGTGGTAGCCAAGGCCACTGAGAA
 ATATCCAATGGAAAGGAGAGCAGGAAGGGCCCTCCAAGACCACATGCTACAGCCTCCTACC
 CCATGCTTTACAGAACGGGAAAGTAAGGCCCAGAGAGGGACAAGGACTGATGCAAAATTA
 TACTAAAGGGTCCTGGGTAAGGCTTGGACCCAAGTTCCTTAGCTCCCAGCTGAGAGCTCTT
 5 CCCATGACACCAAGCTCAGTTTCTACTGGTAAAAGCCACATACTATTTACTTTAGAGAAAG
 TTTACAGAGAGGGTTAGGGTGCCAGGAAGCAGTGACTTGGAATCAAACGAGGGACAGGG
 CTGTAGACCTAACTCCCAGAAGCACCAGAGAAAGGCTTTTGCACGGGGCGGGTGGTCACCT
 TAAGCTATATTCTGATCCTGAGAATTCAAAGTCTGATGATTCTAAGCTGTCAGGATTCTAAA
 10 TGTCATAGATGTCAAGATCCAGGAACCTCCAAGACATCAAGATTTTACGATTTTTAAGACGT
 CAAGATGCTAGCATGCTAACACCATCACGGTTCTAGAACTTTAAAGGTGTCAAGATTCTAA
 AGCCTTCTGGATTCTAGAATCCTGTAGATGTCAGCATTCTAAAGTACCATCAGGTTCTTTAT
 TTAAGGATTCTAGATTCCAGGATTCTATGAGCCTGGTGTAGCCTAAAAAATAAAGATA
 AATTAATAATTGATGGAAATGTCACTGAGGTACCAAAGTTCTCATCTGGGAAATTGTGGCAT
 GTCTGTTGTAAAGAAAGGAGGTAATGATGCAAGTTCTAAAGCAGTCACAGAAGACTAGAG
 15 AAGAAAGAAAGACAGTGAGAGGACAGCTTTGCCCTCATCCTGGCCGAGGTGAGGATGGC
 TCTGCCTCAAACCTGGAGTGAGGGAACATGTAACCGCACTCAACTTGCCAGAAACCCCTTC
 ACGGTCTGAGCTGGCGTTCCCTTTCATGTCACTGAGTTCAACATCCTCACTTTACAGAAAGA
 GAAACAGAAGCCTGGAGAGAGGAAGGTGTTTACCATTGGCTGCGATGGCAAATGGCAAGA
 GCCAAGATTTAAGCCCAGGCCGCCAGCCCCATGCCACCTGGTTATACTCCTCTCACCAAT
 20 CTCTGCCGAACACCCAGCCCTCCTGCTTCTGCCTAGCCACCTTCCAATCCTCTGTTCTTCC
 AAAAGTGGCCTTATCCACCAGGGAGGGGTGACCCGTGGCAGGTTCAAGACTTACACAGTGT
 GAGAGTGTGTGGGTGACATTTCTGACCTTGTCCCATTTCTCAGGGTCACTTCAACCTCGG
 GGGTCTCCAGCTTCTCACAGTGTGTGATGAGGGTATGTGGATGGCTCCCTGGATGTCCTGG
 ACAGGGGCTTCTCTGTGAGTCAAGCCTGGGTGTGTGAATGGGTGAGCAGGGTTTGGAGAGG
 25 CATTGCTGAATCCACGTGTGTGCCTACACGCCAAGGTCCCCATTCTCACTTCCCCACACA
 CATGCACACAGATGTTCCCCTCCAGGGCTCTTTAGAATGCCCTGCCTGACTGAATTCTCTT
 CAGGGGCACAGAGGGATAGAGAGAGGGAGGAAGGTAGGATGGGAATGGGAGATCCCGGG
 ATGGAGGCTGTAAGCGTAGAGAGAGGAGGCACAGCAGAAAGACAGGGATGGAGATAGTGG
 GACAGAGAAGGGGGAAAGAGACAGGTGACAGAAAGGGTTAGAGAAACGAGTGACAGAAA
 30 GACAGGGGACAGAGACAAGGGGATGGGGCAGATAGGGGACAGAGAAAAAGGGACAGAAA
 AACAAGGGTGACAGCGAGACAGAGACAGGGACCAAGAATAGGGGCAGAGAGGGAGGGCA
 GAAATCCGGGGGAAAGAGAATAGACAGGATGATGGAGGGGACAGAGTGACCCAGGAAAA
 GGGGACAGAGACCAGGGGACAGAGGTAGGGGACAAAGACAGAATAGATGAGGAACACCG
 AGGCAAGAAGAGAGGGGACAGACAGAAGGAGGGACAGGACTTCGAGACTGAGGGATAG
 35 AGGACAAGGGTAGGGGGACGAGGAGCCAGACGGGGGGGTTTCAAGACGGGCGGACAGAG
 GGACGCAGAGACTGGACAGAAGGACAGCGGGACCGCCTGGGGAGGGCGGACTTGTGTGT
 GTAGGGGGGTCTCGGGCCCTTTGTCCCCGCCGGATCCAGCCTGCGCGGGTGGGGGGCTG
 CGGCACGGCGGGCCCCCGCCCCCTCCCCGCTCGTCTCGCTCCCCGGCTCCCCGGCCCGC
 GCTGCGCTTTGTCCCCGGGAGGGGGCCCCGGCCCCGGCCCCGGCGCGCATTGTTCCGCCTCTGC
 40 GGCCCCGAGGCTGCCGGGCTGTCAACACAGCGCGCCCCCGCCCCAGCCCCGGCGCCGAC
 CCCGGCCCCCGACCTACCTGGCCCCCGCGCGGCCGCCACAGCAGCAGCAGCGGCCACTG
 GAAGCGCCGGGCCCCGGCCCATGGTGCCGCGCGCGCGCGCGCGCGCTCGCTCCCCGGCCCG
 GCACCTGCACCGCCCCGCGCGCCCCGCCCGCCCCCGCGCCCCCGCCCCCTGCCCGCCCCGG
 GCGGGGGCGCCGAGGCCGGGGCGGGGCGGGGAGGGGAGGGGAGACGGAGGAGAGGCC
 45 CGGAGACAATCGGGGGACGGCACGGTGGGGGAACGGTGCGGGGTGCGAAAGCTGGAGAG
 GAGAGGGGTGAGGAGGGCGGGAAAGGGGTGCGCGGGGAGGGCGACAGCGGCGTGGGAGCAG
 GTGGGGGATCTCGGTGAGCGCGGGAAATGGAGGGTGTTGGGTGAGGGTGCTGCGTGCGGG
 CCCAGGTGCTGCGCGCGAGGGTGCGGAGTTGCTGGCATGCAGGGTGCTTGGCTGCGCGGA
 GGGGAGGGTGGCAGGGTGTTGCTGGAGGCTGTGCGAGGGTGGGGGCGCGGGCGTCTGGG
 50 GTGCGGTGTGTGCGAAGGGAGAGCGTGGCCAGCGTGACGGGGGAGCGTAAGGGAGGGAGT
 GCGACGTGGGAAAGGTGAGTGTGAGAGGCGTGCTGCGGGCAGGTGGGTGTCTGGAGTCTA
 GCGAGAGGCTGTGAGCTGAGCCACCGGGACAGGGGAGGCTGCAGCTGGAGGTCCGGAGGG
 TCCGGAGGTGAGGACAGGTCAAGGATCTCCAGGGCAGGGCGAGGCTGGGGCTCAGGAGT
 GGGGTGGGGTCAGTTCCCTCCCTCCCTCTCTCTCTGACCTGAAAACCCCGTGTTCGG

CGTCATTCTCCGGGAGGGGCCCCCTGAAAGTGAACCTAACTGGAAGGAAGCCTGAATCCTGG
 GTCCCAGGAGGGGAGAGGCTCCTGTGAACACCTTCCAAGCCCTGGCGTCCCCTCTCCTCCCT
 GCTGTCTCCCTGCCCCAGCCTCTCTCCCTCTCTCTGCATGTATTTGCCTCTGCCCTTCCTCTC
 TCCCCATCTTTGAGGGTGACTCACCCCTCCAGACTTAGGTCCCTT
 5 CTCCCTCCTGGGAGTGGGTTTTCCCTGAGCCCACTTCTGTGACACCCTGTAGACCTGATGCGG
 GATCATTACCTATGGGACCCAGAAAGAGTGAGAAACCATGGAAAGAAGGCCTCGACCTCTC
 TCATGCCCATTGTGTCAGGCCAACTGAGGTCCAGAAAGTGCCAATTATGAACATCTTTCCCTTCC
 CCCCTCCCCCTCCCCGCCAGACGGAGTCTCGCTCTGTTGCCAGGCTGGAGTGCAGTGGC
 ACGATCTCGACTCACTGCAACCTCTGCCTCCCAGGTTCCAGTGATTCTCCTGCCTCAGCCTC
 10 CCGAGTAGCTGAGATTACAGGCGCCCCGCCACCATGCCTAGCTAATTTTTATATTTTTAGTAG
 AGACGGAGTTTTGCCATGCTGGCCAGGCTGGTCTTGAACCTCCTTACCTCAGGTGATCCATCT
 GTCTGGCCTCCCAAAGTGCTGGATTACAGGCGTGAGCCACCATGCCTGGCTGAAAATCCTT
 ACTTTTTATTCCGACTAAAAAATTTACATCCAGTCCCAACAAGGGACTTCAGCTTCACACAC
 CCTTTCTGTCTCAGTACCCAGCTCCCAGTATCCTTTCTGTACCTCAAAACCATAGCTACCAT
 15 CAACCTTGTGTCCCAGGACCATGGCTCCCAGTGTCTTCTGTCTCCTCAGGGTCCAAGCTCC
 CATCAACTCCTGTGTCTCAGGACCACGGCTCCCAGCATCCTCTGTCTCCTCAGGTCCAAG
 CTCCCATCAACCCCTGTGAAGCAGGACCATGGCTCCCAGCATCCTCTGTCTCCTCAGGGTCC
 AAGTCTCTATCAACTCCTGTGTCCCCAGGACGATGGCTCCAGCAATCCTCTGTCTCCTGAGA
 GCCCAAGCTTCTAACTGCCCCCTGTGTCCCCAGATCCATAGCCCTGAGCAACTCCTTCTTTT
 20 TCAGTCTCAGCTTCCCAGCTTCTGTAGACTTGGGAAGAGATAGTCTCTAATCCTCTTTTCCA
 GGGCTCACATTCTGTGACTTTTGCTAGATGGGAGAGGAATGTTTGATCTGCCTTTGGAATAC
 TGGTCCAAGGGGTAAGTAGTGTGCTTTTCCCGCAGGAGCCAATAGGCCCCGCTCACTCT
 GTGCTCTGACAGATGTCTCCTGCTCCAGCTGAAGGGGAACCTTGGGAGATGTTGGTTTGGTT
 CTCACCTGTCATCCTTAAGTCCCACCATTCATGTGAAGACATCACAAGAGTAGTGGTCTG
 25 ACGGGCGCGTTGGCTCACACCTGTAATCCCAGCACTTTGGGAGGCCAAGGTGGGCCGATCA
 CTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACCGGCCAACATGGTGAAACACCATCTT
 TACCAAAAAAAAAAAAAAAAAAATTAGCAAGGCGTGGTGGCACGTGCCTGTAATCCCAGCTG
 GTCGGAAGGCTGAGGCATGAGAATCCCCCTGAACCTGGGAGGCAGAGGTTGCAGTGAGCTA
 AGATCATGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGACAGAATGAGACTCAGTCTAAATAATAATAA
 30 TAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAAGATAGTGGTCTGTCCCCATCCTA
 CTTGAGGGTACCCTGTCCATTAGGGATTTAGTGCAAGTGACAGCAAGTGCAACCCAACTGG
 TTTGAGAGAAAGAGAACTGGTTACACATAACAAAAAGTCCTTCTATGGCTGGCTTTGGCG
 AGGTCTGTCAATCTCTGTCTTAAGGATGCATGGCTCCCCCTCCTGTAGCAAGATGGCTGGCA
 GATACCCCTGGGGCCAGATTCATATTTGGGGTGATTAAGATTCTGCAAGAGAGAGACAACC
 35 TTTATTTACACAGCTTTTCAATTGTTGCCTGTCCCTGGTGAGACTCGGAGACCTAGCTCTT
 GCCTGGTTTCTAACTTTCAATAACACCGTTTTTGTCTTAAGTCAGCACAAACAGATTTTATT
 TCTTGCAAGCAAAGATTCTGAACAACAACCTTCAGAGCCGTTAACAATGAGGTCTCTGATCA
 CAAGCTATGGTATAGGACGTGAGAAATTTGTCCCTAGCCTCAATATCTGCTGGAGGGCATC
 ATGGAATAAGTATTTCTATCCTCTGATCCCCACTGTAGGGCATCATGGGATATATAATCCTA
 40 ACCTTCAATCTCTGCCATAGAGTTTCATAGGCAATGCAGTCCTAGCCTCAATATGTTGTAGG
 GAATTATGGGAAAGGTGAAATTATCCTCAATTATAATACAGAGCATCTCAGAAAATGTCGT
 TTTAGCCTCATCTCTGCTGTAGGGCATCATGGGAGATATACTTCTGGCCCAATTTTTGTTGT
 AAGTTGCCATAGAAGATGCAGTCTTTCTTCTTCCCTTTTTTCTTTTCTTTCTTTCTTT
 TTTTTTTTTTTTATTATGTAGAGACAGGGTCTCTCGCTATGTTGCCAGGCTGGTCTGAACT
 45 CCTGGGCTCAAGCAGTTCTCCTGCCTTGGCCTCCCAAAGTGCTGGGATTACAGGCAAGAGC
 CATTGCACCCAGTCCCTTCTCTCTTTCTTTCTTCTCACCTGCCATATTCAGGCACTAGGA
 ATAAATCATCAAGTAAATAAACCGGCCTAACCTTCCCTGGCAATTATAATGGGGAAAGTTAG
 CTAATAAACAAACAAAAATTAAGTTCATTAAACCATCGCTGAATAACAAAAATACCCAGA
 ACGTAGTGGTGTGAAACAACAACCTTTTAATTTTATGATTCTGTGAGTCAGGAATTGGAGC
 50 AGGATTGGTGTGTATCTGCTTCATGATGAACTGGAGCCAAAAATGAACTAGCTGGAACAGC
 TGGAGATGGAGGGGAGGGGCATCAAGGGCCATATATCTAAGGCTGGTGGTGGTGGTGGTGG
 GTTTTGAATAGTGTCTCCAAGTAAATATATGTTGAAGTTCTAGCCCCTGGTATCTGTACA
 TGTGACCTTATTTGGAATAAAATCTTTGCAAATGTAATTCACTTTTTTGTTTGGTTTGGT
 TTGCTCGAGACTGAGTCTCGCTCTGTACCCAGGCTGGAGTGCAGTGGCATGATCTCGGCTC

ACTGTAACCTTCACCTCCTGGGTTCAAGCGATTCTCCTGCCTCAGCCTCCCAAGTAGCTGGG
 ATTATAGGCACGTGTCACCATGCCCAGCTAATTTTTGTATTTTCAGTAGGGACGGGGTTTCA
 CCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTGACCTCAAAATGATCTGCCACCTCAGCCTCCCA
 AAGTGCTGGGATTATAGGCATGGGGCACTGCATCCTGCCAGATGTGATTAACCTCTAACC
 5 CCTGGTATCTTTGCATGTGACTTTATTTGGAAATAAGGTGGGTTTTTTTCTTGTTTTTTTTTT
 TTTTTTTGAGACAGTTTCACTTTGTGCTCAGGCTGGAGTTCAGTTGCATAATCTCAGCTCA
 CTGAAACCTCTGCCTCCGAGGCTCAAGCGATCCTCCCGCCTCAGTCTCCCGAGTCACTGGG
 ACTACGGGCAAGCGCCACCACACCCGGCTAATTGTTGCAGTTTTTGTAGAGATGGGGTTTT
 GCCATGTTGCCCAGGCGGTCTCCAATTGCCACCCTCAAGCAATTCATCCGCCTCGGCCTCCC
 10 AGAGTGCTGGAATTATAGGTGTGAGCCATGGCGCCCGGCCAGAAAGTCTTTGCAGATTTAG
 TTGAATTAATGACTAAATGTTTCCATGCTGAGTTAGAGTGGGCTCTAAATCCAATGATTGAT
 ATGGGGTTATAAGGAGAGATATTTGGAGACATAGCCACAGTCCAGGGAAGGTGGACATT
 GGAAGACAGAGGTAGGGATTAGAGTGATGCAGCTACAAGCCAAGGAATGGCAAAGATTGC
 TGGCAGTCCCTCAGAAGCAAAGGAGAGGCAAGGAAGGGTTCTTCCCCTGAGACTTTTTTTT
 15 TTTTTTTTGGAGACGGAGTCTCACTGCTGTCAGCCTCAGCTGGAGTGCAATGGCGCGATCTCG
 GCTCACTGCAACCTCTGCCTCCCAGGTTCCAGCAATTCTCCTGCCTCAGCCTCCCGAGTAAC
 TGAGATTACAGGCACCCGCCACCATGCCTGGCTAGTTTTTGCATTTTTAGTAGAGATGGGAT
 TTCACCCTGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTGACCTCAGGTGATCCACCCGCCTCGGCC
 TCCCAAAGTGCTGGGATTACAGGTGTGAGCCCCGGAGACTTTAAAGCATGGCTCTTCCCC
 20 TGACGCTTTAAAGCGTGGCTCTTCCCGTGAGACTTCAACACCTTGGTTTTGGACATTTAGC
 ATTCAGAACTGTGAGAGAACAAGTTTCTAGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTG
 TGTGTGTGTGTGTGTATGTGTTTTAGACAGAGGCTCATTCTGTTGCCAGGCTGGAGTGCAG
 TGGTTCAATCTCGGCTCACTGCAAACTCCGCTTCTCAGATTCAAGTGATTTCTTATGCCTCAG
 CCTCCCAAAGTAGCTGGAATTACAGAGGAGCGCCATCACAGCCGGCTATTTTTTTTTTTTTT
 25 TTTGTACTTTTAGTAGAGACAGGTTTCACTGTTGTTGGCCAGGCTGGTCTCAAATTCCTGGC
 CTCAAGTGATATGCCTGCCTTGGCCTCCCAAAGTGCTGGGATTACAGGTGTAAGCCACCAC
 ACCTGGCCTAAGTTTTCTG
 GGAGTCTCGCTCTGTTGCCAGGCTGGAGTGCAGTGGCATGATCTCGACTCACTGCAAGCT
 CCGCCTCCCGGGTTACGCCATTCTCCTGCCTCAGCCTCCCGAGTAGCTGGGACTACAGGCA
 30 CCCACCACCACGCCCAGTTAATTTTTTGTATTTTAAATAGTGACAGGGTTTCATCATGTTAG
 CCAGGATGGTCTCGATCTCCTGACCTCGTGATCCGCCCCGCTCAGCCTCCCGAATTGCTGGG
 ATTACAGGCATGAGCCACCAAACCCGGCCAAGTTTCTGTGGTTTTAAGCCACCTTGCTTGTA
 AGATTTG
 TATATTTACAGGACATATGTAATATGGTTTTGGGTTTTAGTGTTTTTTTTTTGGAGACAGAG
 35 TCTGGCTCTGTTGCCAGGCTGGAGTACAGTGGTGGGATCATGGCTCACTGCAGCCTTGAC
 CTCCCGGGCTCAAGGGATCCTCCTGCCTCAGCCTCCCATGTAAGTACAGGACACAGGCATGC
 CCCACCACATCCAGCCAATTTTTTTTTTATTTTTAGTGGAGATGAGGTCTCACTGTGTTGCC
 AGGCTGATCTTGAACCTCCTGAGCTCAAGAGATCTTCTTTCTCACCTCCCAAAGTGCTAGG
 ACTACAGGCATGAGCCACTGTGCCTGTCTTCCATGATGTTTTGATATAGGCACACAATGTG
 40 TTAGTTTATAAAGTTTGTAATAATTTATCACAGGCAGCCCTAGGAACTAATATAGCCAAG
 TTTCTGTTTCTTCTATATCACATCTGCTGGGGCTACATGTCCAAGGTGGCTTCTTACCCC
 ACTTGTCTGGTGCCTGGGCTGAGATGGCTGAAACATCTGGGGCTCTATCTCCACATGGCATT
 TATACATGAGTAGCTTGGGCTTCTCACAGCATGGTGGTCTCAGGGCAGTAGTACTTTTACA
 TGGCAACCAGCTTCCCCAGAGTGAGCGTTCTAAGATTGAGAAAGTGAAGAAATGAAAGTTTC
 45 TTAAGAACTTGGTTCCAGAACATAGCACAGCAAACTTCCACCACATTCTACTGGTCAAAGC
 AGTCACAGAGTCACTCATATTCAAGAGGCAGAAAGTACAGACCTCACTTCTTTAAGCCACTA
 CAGTGACAGGTGGTGATATGTCATTAGAGAAAGCCCTAAACAAGAACCTTGTCCCTCACCT
 GCCCCAAATACCATGGAAGATGTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGGGGATAGTCTCACT
 GTGTCATGCAGTGGTGTGATC

50

SEQ ID N° 57 >gi|184426|gb|M85289.1|HUMHSPG2B Human heparan sulfate proteoglycan (HSPG2)
 mRNA, complete cds
 GGCCGGCGAGCGGGCGGCTGCGGGCGGCGCGGAGCGGGCGGCGCGGAGCGAGCGAGCGA
 GAGAGCGGCGCGGGCCGGGCCATGGGGTGGCGGGCGCGGGCGGCGCTGCTGCTGGCGCTG

CTGCTGCACGGGCGGCTGCTGGCGGTGACCCATGGGCTGAGGGCATACGATGGCTTGTCTC
 TGCCTGAGGACATAGAGACCGTCACAGCAAGCCAAATGCGCTGGACACATTTCGTACCTTTC
 TGATGATGAGTACATGCTGGCTGACAGCATCTCAGGAGACGACCTGGGCAGTGGGGACCTG
 5 GGCAGCGGGGACTTCCAGATGGTTTATTTCCGAGCCCTGGTGAATTTCACTCGCTCCATCGA
 GTACAGCCCTCAGCTGGAGGATGCAGGCTCCAGAGAGTTTCGAGAGGTGTCCGAGGCTGTG
 GTAGACACGCTGGAGTCGGAGTACTTGAAAATTCCCGGAGACCAGGTTGTCAGTGTGGTGT
 TCATCAAGGAGCTGGATGGCTGGGTTTTTGTGGAGCTCGATGTGGGCTCGGAAGGGAATGC
 GGATGGTGTCTCAGATTCAAGGAGATGCTGCTCAGGGTCATCTCCAGCGGCTCTGTGGCCTCC
 10 TACGTACCTCTCCCCAGGGATTCCAGTTCGGACGCCTGGGCACAGTGGCCCAAGTTCCTCAA
 GAGCCTGCACGGAGGCCGAGTTTGCTGCCACAGCTACAATGAGTGTGTGGCCCTGGAGTA
 TCGCTGTGACCGGCGGGCCGACTGCAGGGACATGTCTGATGAGCTCAATTGTGAGGAGCCA
 GTCCCTGGGTATCAGCCCCACATTCTCTCTCTTGTGGAGACGACATCTTTACCGCCCCGGCC
 AGAGACAACCATCATGCGACAGCCACAGTCACCACGCTCCTCAGCCCCGTCTTCCCGGT
 TCCGTCAAGCCCCCTGCCCTGTGGGCCCCAGGAGGCCGATGCCGCAATGGGCATGCATCC
 15 CCAGAGACTACCTCTGCGACGGACAGGAGGACTGCGAGGACGGCAGCGATGAGCTAGACT
 GTGGCCCCCGCCACCCTGTGAGCCCAACGAGTTCCTCTGCGGAATGGACATTGTGCCCT
 CAAGCTGTGGCGCTGCGATGGTGACTTTGACTGTGAGGACCGAACTGATGAAGCCAACTGC
 CCCACCAAGCGTCTTGAGGAAGTGTGCGGGCCACACAGTTCGGATGCGTCTCTACCAACA
 TGTGCATCCCAGCCAGCTTCCACTGTGACGAGGAGAGCGACTGTCTGACCGGAGCGACGA
 20 GTTTGGCTGCATGCCCCCCCAGGTGGTGACACCTCCCCGGGAGTCCATCCAGGCTTCCCGG
 GGCCAGACAGTGACCTTCACTGCGTGGCCATTGGCGTCCCCACCCCCATCATCAATTGGA
 GGCTCAACTGGGGCCACATCCCCTCTCATCCCAGGGTGACAGTGACCAGCGAGGGTGGCCG
 TGGCACACTGATCATCCGTGATGTGAAGGAGTCAGACCAGGGTGCCTACACCTGTGAGGCC
 ATGAACGCCCCGGGGCATGGTGTTTGGCATTCTTGACGGTGTCTTGAGCTCGTCCCAACAAC
 25 GAGGCCCTGCCCTGACGGCCACTTCTACCTGGAGCACAGCGCCGCTGCCCTGCCCTGCTTC
 TGCTTTGGCATCACCAGCGTGTGCCAGAGCACCCGCGCTTCCGGGACCAGATCAGGCTGC
 GCTTTGACCAACCCGATGACTTCAAGGGTGTGAATGTGACAATGCCTGCGCAGCCCGGCAC
 GCCACCCCTCTCCTCCACGCAGCTCGAGATCGACCCATCCCTGCACGAGTTCAGCTAGTA
 GACCTGTCCCGGCTTCTCTCGTCCACGACTCCTTCTGGGCTCTGCTGAACAGTTCCTGGG
 30 CAACAAGGTGGACTCCTATGGCGGCTCCCTGCGTTACAACGTGCGCTACGAGTTGGCCCGT
 GGCATGCTGGAGCCAGTGACGCGGCCGACGTGGTCTCGTGGGTGCCGGGTACCGCCTCC
 TCTCCCGAGGCCACACACCCACCCAACCTGGTGCTCTGAACCAGCGCCAGGTCCAGTTCTC
 TGAGGAGCACTGGGTCCATGAGTCTGGCCGGCCGGTGCAGCGCGCGGAGCTGCTGCAGGTG
 CTGCAGAGCCTGGAGGCCGTGCTCATCCAGACCGTGTACAACACCAAGATGGCTAGCGTGG
 35 GACTTAGCGACATCGCCATGGATAACACCGTCACCCATGCCACCAGCCATGGCCGTGCCCA
 CAGTGTGGAGGAGTGACAGATGCCCCATTGGCTATTCTGGCTTGTCTGCGAGAGCTGTGAT
 GCCCACTTCACTCGGGTGCCTGGTGGGCCCTACCTGGGCACCTGCTCTGGTTGCAGTTGCAA
 TGGCCATGCCAGTCTCTGTGACCTGTGTATGGCCACTGCCTGAATTGCCAGCACAAACAG
 GAGGGGCCACAGTGCAACAAGTGCAAGGCTGGCTTCTTTGGGGACGCCATGAAGGCCACG
 40 GCCACTTCTTGCCGGCCCTGCCCTTGCCCATACATCGATGCCTCCCGCAGATTCTCAGACAC
 TTGCTTCTTGACACGGATGGCCAAGCCACATGTGACGCCTGTGCCCCAGGCTACACTGGC
 CGCCGCTGTGAGAGCTGTGCCCCCGGATACGAGGGCAACCCCATCCAGCCCGGCGGGAAGT
 GCAGGCCCCGTCAACCAGGAGATTGTGCGCTGTGACGAGCGTGGCAGCATGGGGACCTCCGG
 GGAGGCCGTGCCGCTGTAAGAACAATGTGGTGGGGCGCTTGTGCAATGAATGTGCTGACGGC
 45 TCTTCCACCTGAGTACCCGAAACCCCGATGGCTGCCTCAAGTGTCTTCTGCATGGGTGTCAG
 TCGCCACTGCACCAGCTCTTCATGGAGCCGTGCCAGTTGTCATGGGGCCTCTGAGGAGCCT
 GGTCACTTCAGCCTGACCAACGCCGCAAGCACCCACACCACCAACGAGGGCATCTTCTCCC
 CCACGCCCCGGGGAAGTGGGATTCTCTCTTCCACAGACTCTTATCTGGACCCTACTTCTGG
 AGCCTCCCTTCACGCTTCTTGGGGGACAAGGTGACCTCCTATGGAGGAGAGCTGCGCTTCA
 50 CAGTGACCCAGAGGTCCCAGCCGGGCTCCACACCCCTGCACGGGCAGCCGTTGGTGGTGTGCT
 GCAAGGTAAACAACATCATCCTAGAGCACCATGTGGCCCAAGGAGCCAGCCCCGGCCAGCCC
 AGCACCTTCATTGTGCCTTTCCGGGAGCAAGCATGGCAGCGGCCCGATGGGCAGCCAGCCA
 CACGGGAGCACCTGCTGATGGCACTGGCAGGCATCGACACCCTCCTGATCCGAGCATCCTA
 CGCCAGCAGCCCCGCTGAGAGCAGGGTCTCTGGCATCAGCATGGACGTGGCTGTGCCCGAG

GAAACCGGCCAGGACCCCGCGCTGGAAGTGGAACAGTGCTCCTGCCCACCCGGGTACCGTG
GGCCGTCTGCCAGGACTGTGACACAGGCTACACACGCACGCCAGTGCCCTCTACCTGGG
TACCTGTGAACGCTGCAGCTGCCATGGCCACTCAGAGGCCTGCGAGCCAGAAACAGGTGCC
TGCCAGGGCTGCCAGCATCACACGGAGGGCCCTCGGTGTGAGCAGTGCCAGCCAGGATACT
5 ACGGGGACGCCAGCGGGGGACACCACAGGACTGCCAGCTGTGCCCCTGCTACGGAGACC
CTGCTGCCGGCCAGGCTGCCACACTTGTCTTCTGGACACAGACGGCCACCCACCTGTGAT
GCGTGCTCCCCAGGCCACAGTGGGCGTCACTGTGAGAGGTGCGCCCCTGGCTACTATGGCA
ACCCAGCCAGGGCCAGCCATGCCAGAGAGACAGCCAGGTGCCAGGGCCCATAGGCTGCA
ACTGTGACCCCAAGGCAGCGTCAGCAGCCAGTGTGATGCTGCTGGTCAGTGCCAGTGCAA
10 GGCCAGGTAGAAGGCCTCACTTGCACCACTGCCGGCCCCACCACTTCCACCTGAGTGCC
AGCAACCCAGACGGCTGCCTGCCCTGCTTCTGTATGGGCATCACCCAGCAGTGCGCCAGCT
CTGCCTACACACGCCACCTGATCTCCACCCACTTTGCCCTGGGGACTTCCAAGGCTTTGCC
CTGGTGAACCCACAGCGAAACAGCCGCTGACAGGAGAATTCAGTGGAACCCGTGCCCG
AGGGTGCCAGCTCTCTTTTGGCAACTTTGCCCACTCGGCCATGAGTCCTTCTACTGGCAG
15 CTGCCGGAGACATACCAGGGAGACAAGGTGGCGGCCTACGGTGGAAGTTGCGATACACC
CTCTCTACACAGCAGGCCACAGGGCAGCCCACTCTCGGACCCCGATGTGCAGATCACGG
GCAACAACATCATGCTAGTGGCCTCCAGCCAGCGCTGCAGGGCCAGAGAGGAGGAGCT
ACGAGATCATGTTCCGAGAGGAATTCTGGCGCCGGCCCGATGGGCAGCCGGCCACACGCGA
GCACCTCCTGATGGCACTGGCCGACCTGGATGAGCTCCTGATCCGGGCCACGTTCTCCTCCG
20 TGCCGCTGGTGGCCAGCATCAGCGCAGTCAGCCTGGAGGTGCCCCAGCCGGGGCCCTCAA
CAGACCCCGCGCCCTCGAGGTGGAGGAGTGCCGCTGCCCGCCAGGCTACATCGGTCTGTCC
TGCCAGGACTGTGCCCCCGGCTACACGCGCACCGGGAGTGGGCTCTACCTCGGCCACTGCG
AGCTATGTGAATGCAATGGCCACTCAGACCTGTGCCACCCAGAGACTGGGGCCTGCTCGCA
ATGCCAGCACAACGCCGCAGGGGAGTTCTGCGAGCTTTGTGCCCTGGCTACTACGGAGAT
25 GCCACAGCCGGGACGCCTGAGGACTGCCAGCCCTGTGCCTGCCCACTGACCAACCCAGAGA
ACATGTTTTCCCGCACCTGTGAGAGCCTGGGAGCCGGCGGTACCGTGCACGGCCTGCGA
ACCCGGCTACACTGGCCAGTACTGTGAGCAGTGTGGCCAGGTTACGTGGGTAAACCCAGT
GTGCAAGGGGGCCAGTGCCAGAGACAAACCAAGCCCCACTGGTGGTCGAGGTCCATC
CTGCTCGAAGCATAGTGCCCAAGGTGGCTCCCACTCCCTGCGGTGTCAGGTCAGTGGGAG
30 CCCACCCCACTACTTCTATTGGTCCCGTGAGGATGGGCGGCCTGTGCCAGCGGCACCCAG
CAGCGACATCAAGGCTCCGAGCTCCACTTCCCCAGCGTCCAGCCCTCGGATGCTGGGGTCT
ACATTTGCACCTGCCGTAATCTCCACCAATCCAATACCAGCCGGGCAGAGCTGCTGGTCAC
TGAGGCTCCAAGCAAGCCCATCACAGTGACTGTGGAGGAGCAGCGGAGCCAGAGCGTGCG
CCCCGGAGCTGACGTACCTTCATCTGCACAGCCAAAAGCAAGTCCCCAGCCTATACCTG
35 GTGTGGACCCGCTGCACAACGGGAACTGCCACCCGAGCCATGGATTTCAATGGCATCC
TGACCATTCGCAACGTCCAGCTGAGTGATGCAGGCACCTACGTGTGCACCGGCTCCAACAT
GTTTGCCATGGACCAGGGCACAGCCACTCTACATGTGCAGGCCTCGGGCACCTTGTCCGCC
CCCGTGGTCTCCATCCATCCGCCACAGCTCACAGTGACGCCCGGGCACTGGCGGAGTTCC
GCTGCAGCGCCACAGGGAGCCCCACGCCACCCCTCGAGTGGACAGGGGGCCCCGGCGGCC
40 AGTCCCTGCGAAGGCACAAATCCACGGCGGCATCCTGCGCCTGCCAGCTGTGAGCCCCAC
GGATCAGGCCCAGTACTTGTGCCGAGCCACAGCAGCGCTGGGCAGCAGGTGGCCAGGGCT
GTGCTCCACGTGCATGGGGGCGGTGGGCCCAGAGTCCAAGTGAGCCCAGAGAGGACCCAG
GTCCACGCAGGCCGACCGTCAGGCTGTACTGCAGGGCTGCAGGCGTGCTAGCGCCACCA
TCACCTGGAGGAAGGAAGGGGGCAGCCTCCACACAGGCCCGGTGAGAGCGCACAGACA
45 TCGCGACACTGCTCATCCAGCCATCACGACTGCTGACGCCGGCTTCTACCTCTGCGTGGCC
CCAGCCCTGCAGGCACTGCCAGGCCCGGATGCAAGTGGTTGTCTTTACGCTCAGATG
CCAGCCCACCGGGGGTCAAGATTGAGTCCTCATCGCCTTCTGTGACAGAAGGGCAAACT
CGACCTCAACTGTGTGGTGGCAGGGTCAGCCATGCCAGGTACCTGGTACAGGCGAGGG
GGTAGCCTGCCTCCCCACACCCAGGTGCACGGCTCCCGTCTGCGGCTCCCCAGGTCTCACC
50 AGCTGATTCTGGAGAATATGTGTGCCGTGTGGAGAATGGATCGGGCCCCAAGGAGGCCTCC
ATTACTGTGTCTGTGCTCCACGGCACCCATTCTGGCCCCAGCTACACCCAGTGCCCGGCAG
CACCCGGCCCATCCGCATCGAGCCCTCCTCCTCACACGTGGCGGAAGGGCAGACCCTGGAT
CTGAACTGCGTGGTGGCGGGCAGGCCACGCCAGGTACGTGGCACAAGCGTGGGGGC
AGCCTCCCTGCCCGGCACCAGACCCACGGCTCGCTGCTGCGGCTGCACCAGGTGACCCCGG

CCGACTCAGGCGAGTATGTGTGCCATGTGGTGGGCACCTCCGGCCCCCTAGAGGCCTCAGT
 CCTGGTCACCATCGAAGCCTCTGTCATCCCTGGACCCATCCCACCTGTCAGGATCGAGTCTT
 CATCTCCACAGTGGCCGAGGGCCAGACCTGGATCTGAGCTGCGTGGTGGCAGGGCAGGC
 CCACGCCCAGGTACATGGTACAAGCGTGGGGGCAGCCTCCCTGCCCCGCCAGGTTTCGT
 5 GGCTCCCGCCTGTACATCTTCCAGGCCTCACCTGCCGATGCGGGACAGTACGTCTGCCGGG
 CCAGCAACGGCATGGAGGCCTCCATCACGGTCACAGTAACTGGGACCCAGGGGGCCAACTT
 AGCCTACCCTGCCGGCAGCACCCAGCCCATCCGCATCGAGCCCTCCTCCTCGCAAGTGGCG
 GAAGGGCAGACCCTGGATCTGAACTGCGTGGTGGCCGGGCAGTCCCATGCCCAGGTACAGT
 10 GGCACAAGCGTGGGGGCAGCCTCCCTGTCCGGCACCAGACCCACGGCTCCCTGCTGAGACT
 CTACCAAGCGTCCCCCGCCGACTCGGGCGAGTACGTGTGCCGAGTGTGGGCGAGTCCGTG
 CCTCTAGAGGCCTCTGTCTGGTCAACATTGAGCCTGCGGGCTCAGTGCCTGCACTTGGGGT
 CACCCCCACGGTCCGGATCGAGTCATCGTCTTCGCAAGTGGCCGAGGGGGCAGACCCTGGAC
 CTGAACTGCCTCGTTGCTGGTCAGGCCCATGCCCAGGTACAGTGGCACAAGCGCGGGGGCA
 GCCTCCCGGGCCCCGGCACCAGGTGCATGGCTCGAGGCTACGCCTGCTCCAGGTGACCCAGC
 15 TGATTACAGGGGAGTACGTGTGCCGTGTGGTCCGCAGCTCAGGTACCCAGGAAGCCTCAGTC
 CTTGTACCATCCAGCAGCGCCTTAGTGGCTCCCACCTCCAGGGTGTGGCGTACCCCGTCCG
 CATCGAGTCTCCTCAGCCTCCCTGGCCAATGGACACACCCTGGACCTCAACTGCTGGTTG
 CCAGCCAGGCTCCCCACACCATCACCTGGTATAAGCGTGGAGGCAGCTTACCCAGCCGGCA
 CCAGATCGTGGGCTCCCGGCTGCGGATCCCTCAGGTGACTCCGGCAGACTCGGGCGAGTAC
 20 GTGTGTACAGTCAGTAACGGTGCAGGCTCCCGGGAGACCTCGCTCATCGTCAACATCCAGG
 GCAGCGGTTCTCCACAGTGCCACAGCGTCTCCCCACCGATCAGGATCGAGTCGTCTTCCCCC
 ACGGTGGTGGAAAGGGCAGACCTTGGATCTGAACTGCGTGGTCCGAGGCAGCCCCAGGCTA
 TCATCACATGGTACAAGCGTGGGGGCAGCCTTCCCTCCCGACACCAGACCCATGGCTCCCA
 CCTGCGGTTGCACCAAATGTCTGTGGTGAATCGGGCGAGTATGTGTGCCGGGCCAACAAAC
 25 AACATCGATGCCCTGGAGGCCTCCATCGTCATCTCCGTCTCCCTAGCGCCGGCAGCCCCCTC
 CGCCCCCTGGCAGCTCCATGCCCATCAGAATTGAGTCATCCTCCTCACACGTGGCCGAAGGG
 GAGACCCTGGATCTGAACTGCGTGGTCCCCGGGCAGGCCCATGCCCAGGTCACTTGGCACA
 AGCGTGGGGGCAGCCTCCCCAGTCAACATCAGACCC
 GCGGCTCACGGCTGCGGCTGCACCATGTGTCCCCGGCCGACTCGGGTGAATACGTGTGCCG
 30 GGTGATGGGCAGCTCTGGCCCCCTGGAGGCCTCAGTCCTGGTCAACATCGAAGCCTCTGGC
 TCAAGTGCTGTCCACGTCCCCGCCCCAGGTGGAGCCCCACCCATCCGCATCGAGCCCTCCTC
 CTCCCGAGTGCCAGAAAGGGCAGACCTGGATCTGAAAGTGCCTGGTGGCCGGGCAGGCCAC
 GCCCAGGTACATGGCACAAGCGTGGAGGAAACCTCCCTGCCCCGCCACCCAGGTCCACGGCC
 CACTGCTGAGGCTGAACCAGGTGTCCCCGGCTGACTCTGGCGAGTACTCGTGCCAAGTGAC
 35 CGGAAGCTCAGGCACCCTGGAGGCATCTGTCTGGTCACAATTGAGCCCTCCAGCCCAGGA
 CCCATTCTGCTCCAGGACTGGCCCAGCCCATCTACATCGAGGCCTCCTCTTACACGTGAC
 TGAAGGGCAGACTCTGGATCTGAACTGTGTGGTGGCCGGGCAGGCCCATGCCCAGGTACAG
 TGGTACAAGCGCGGGGGCAGCCTCCCCGCCCCGGCACCCAGACCCATGGCTCCAGCTGCGGC
 TCCACCTCGTCTCCCCTGCCGACTCAGGCGAGTATGTGTGTCTGTGAGCCAGCGGCCCAGG
 40 CCCTGAGCAAGAAGCCTCCTTCACAGTCACCGTCCCGCCCCAGTGAGGGGGTCTTCTACCGC
 CTTAGGAGCCCCGGTCACTCCATCGACCCGCCAGCAGCACCGTGCAGCAGGGGCCAGGATG
 CCAGCTTCAAGTGCCTCATCCATGACGGGGCAGCCCCCATCAGCCTCGAGTGGAAGACCCG
 GAACCAGGAGCTGGAGGACAACGTCCACATCAGTCCCAATGGCTCCATCATCACCATCGTG
 GGCACCCGGGCCAGCAACCACGGTACCTACCGCTGCGTGGCCTCCAATGCCTACGGTGTGG
 45 CCCAGAGTGTGGTGAACCTCAGTGTGCACGGGCCCTACAGTGTCCGTGCTCCCCGAGGG
 CCGTCTCTGTCTGTTGGACCCGGATCAGCAGCACCCCTGCCAAGTTGGAGCAGCGGACAT
 ATGGGCTCATGGACAGCCACGCGGTGCTGCAGATTTTCATCAGCTAAACCATCAGATGCGGG
 CACTTATGTGTGCCTTGCTCAGAATGCACTAGGCACAGCACAGAAGCAGGTGGAGGTGATC
 50 GTGGACACGGGCGCCATGGCCCCAGGGGCCCTCAGGTCCAAGCTGAAGAAGCTGAGCTG
 ACTGTGGAGGCTGGACACACGGCCACCTTGGCTGCTCAGCCACAGGCAGCCCCGCGCCCA
 CCATCCACTGGTCCAAGCTGCGTTCCCCACTGCCCTGGCAGCACCGGCTGGAAGGTGACAC
 ACTCATCATACCCCGGGTAGCCCAGCAGGACTCGGGCCAGTACATCTGCAATGCCACTAGC
 CCTGCTGGGCACGCTGAGGCCACCATCATCCTGCACGTGGAGAGCCACCATATGCCACCA

CGGTCCCAGAGCACGCTTCGGTGCAGGCAGGGGAGACGGTGCAGCTCCAGTGCCTGGCTCA
CGGGACACCCCCACTCACCTTCCAGTGGAGCCGCGTGGGCAGCAGCCTTCCTGGGAGGGCG
ACCGCCAGGAACGAGCTGCTGCACTTTGAGCGTGCAGCCCCTGAGGACTCAGGCCGCTACC
GCTGCCGGGTACCAACAAGGTGGGCTCAGCCGAGGCCTTTGCCAGCTGCTCGTCCAAGG
5 CCCTCCCGGCTCTCTCCCTGCCACCTCCATCCCAGCAGGGTCCACGCCACCGTGCAGGTCA
CGCCTCAGCTAGAGACCAAGAGCATTGGGGCCAGCGTTGAGTTCCACTGTGCTGTGCCAG
CGACCAGGGTACCCAGCTCCGTTGGTTCAAGGAAGGGGGTCACTGCCTCCGGGTACACAGC
GTGCAGGATGGGGTGTCTCCGAATCCAGAACTTGGACCAGAGCTGCCAAGGGACGTATATAT
GCCAGGCCCATGGACCTTGGGGGAAGGCCAGGCCAGTGCCAGCTGGTTATCCAAGCCCT
10 GCCCTCGGTGCTCATCAACATCCGGACCTCTGTGCAGACCGTGGTGGTTGGCCACGCCGTG
GAGTTCGAATGCCTGGCACTGGGTGACCCCAAGCCTCAGGTGACATGGAGCAAAGTTGGAG
GGCACCTGCGGCCAGGCATTGTGCAGAGCGGAGGTGTCTGTCAGGATCGCCACAGTAGAGCT
GGCTGATGCGGGACAGTATCGCTGCACTGCCACCAACGCAGCTGGCACCACACAATCCAC
GTCCTGCTGCTTGTGCAAGCCTTGCCCCAGATCTCAATGCCCAAGAAGTCCGTGTGCCTGC
15 TGGTTCTGCAGCTGTCTTCCCTGCATAGCCTCAGGCTACCCCACTCCTGACATCAGCTGGA
GCAAGCTGGATGGCAGCCTGCCACCTGACAGCCGCTGGAGAACAACATGCTGATGCTGCC
CTCAGTCCGACCCAGGACGCAGGTACCTACGTCTGCACCGCCACTAACCGCCAGGGCAAG
GTCAAAGCCTTTGCCACCTGCAGGTGCCAGAGCGGGTGGTGCCTACTTCACGCAGACCC
CCTACTCCTTCTACCGCTGCCACCATCAAGGATGCCTACAGGAAGTTCGAGATCAAGAT
20 CACCTTCCGGCCCCGACTCAGCCGATGGGATGCTGCTGTACAATGGGCAGAAGCGAGTCCCA
GGGAGCCCCACCAACCTGGCCAACCGGCAGCCCGACTTCATCTCCTTCGGCCTCGTGGGGG
GAAGGCCCGAGTTCGGTTCGATGCAGGCTCAGGCATGGCCACCATCCGCCATCCACACC
ACTGGCCCTGGGCCATTTCCACACCGTGACCCTGCTGCGCAGCCTCACCCAGGGCTCCCTG
ATTGTGGGTGACCTGGCCCCGGTCAATGGGACCTCCCAGGGCAAGTTCAGGGCCTGGATC
25 TGAACGAGGAACCTACCTGGGTGGCTATCCTGACTATGGTGGCATCCCCAAGGCGGGGCT
GAGCAGCGCTTCATAGGCTGTGTCCGGGAGCTGCGCATCCAGGGCGAGGAGATCGTCTTC
CATGACCTCAACCTCACGGCGCACGGCATCTCCCACTGCCCACTGTCTGGGACCGGCCCT
GCCAGAATGGCGGTCACTGCCATGACTCTGAGAGCAGCAGTACGTGTGCGTCTGCCAGC
TGGCTTACCCGGGAGCCGCTGTGAGCACTCGCAGGCCCTGCACTGCCATCCAGAGGCCTGT
30 GGGCCCCGACGCCACCTGTGTGAACCGGCCTGACGGTGCAGGCTACACCTGCCGCTGCCACC
TGGGCCGCTCGGGGTGTGGGTGTGAGGAAGGTGTGACAGTGACCACCCCTCGTGTGCGG
TGCTGGCTCCTACCTGGCACTGCCCGCCCTACCAACACACACCACGAGCTACGCCTGGAC
GTGGAGTTCAAGCCACTCGCCCCTGACGGGGTCTGCTGTTACGCGGGGGGAAGAGCGGGC
CTGTGGAGGACTTCGTGTCCCTGGCGATGGTGGGCGGCCACCTGGAGTTCGCTATGAGTT
35 GGGGTCAAGGCTGGCCGTTCTGCGGAGCGCCGAGCCGCTGGCCCTGGGCCGCTGGCACCGT
GTGTCTGCAGAGCGTCTCAACAAGGACGGCAGCCTGCGGGTGAATGGTGGACGCCCTGTGC
TGCGCTCCTCGCCCGGCAAGAGCCAGGGCCTCAACCTGCACACCCTGCTCTACCTGGGGGG
TGTGGAGCCTTCGCTGCCACTGTCCCCGGCCACCAACATGAGCGCTCACTTCGCGGCTGTG
TGGGCGAGGTGTCAGTGAATGGCAAACGGCTGGACCTCACCTACAGTTTCCTAGGCAGCCA
40 GGGCATCGGGCAATGCTATGATAGCTCCCATGTGAGCGCCAGCCTTGCCAACATGGTGCC
ACGTGCATGCCCGCTGGCGAGTATGAGTTCCAGTGCCTGTGTGAGATGGATTCAAAGGAG
ACCTGTGTGAGCACGAGGAGAACCCTGCCAGTCCGTGAACCCTGTCTGCATGGGGGCAC
CTGCCAGGGCACCCGCTGCCTCTGCCTCCCTGGCTTCTCTGGCCACGCTGCCAACAAGGCT
CTGGACATGGCATAGCAGAGTCCGACTGGCATCTTGAAGGCAGCGGGGGAATGATGCCCC
45 TGGGCAGTACGGAGCCTATTTCCACGATGATGGCTTCCTCGCCTTCCTGGCCATGTCTTCT
CCAGGAGCCTGCCCGAGGTGCCCGAGACCATCGAGCTGGAGGTTCCGACCAGCACAGCCA
GTGGCCTCCTGCTCTGGCAGGGTGTGGAGGTGGGAGAGGGCCGGCCAAGGCAAGGACTTCAT
CAGCCTCGGGCTTCAAGACGGGCACCTTGTCTTCAGGTACCAGCTGGGTAGTGGGGAGGCC
CGCCTGGTCTCTGAGGACCCCATCAATGACGGCGAGTGGCACCAGGGTGACAGCACTGCGGG
50 AGGGCCGCAGAGGTTCCATCCAAGTCGACGGTGAAGGAGCTGGTCAGCGGGCCGGTCCCCAG
GTCCCAACGTGGCAGTCAACGCCAAGGGCAGCGTCTACATCGGCGGAGCCCTGACGTGGC
CACGCTGACCGGGGGGAGATTCTCCTCGGGCATCACAGGCTGTGTCAAGAACCTGGTGTCTG
CACTCGGCCCGACCCGGCGCCCCGCCCCACAGCCCTGGACCTGCAGCACCGCGCCAGG
CCGGGGCCAACACACGCCCTGCCCTCGTAGGCACCTGCCTGCCCCACACGGACTCCCGG

- GCCACGCCCCAGCCCGACAATGTCGAGTATATTATTATTAATATTATTATGAATTTTGTAA
 GAAACCGAGGCGATGCCACGCTTTGCTGCTACCGCCCTGGGCTGGACTGGAGGTGGGCATG
 CCACCTCACACACACAGCTGGGCAAAGCCACAAGGCTGGCCAGCAAGGCAGGTGGATG
 GGAGTGGGCACCTCAGAAAGTCACCAGGACTTGGGGTCAGGAACAGTGGCTGGGTGGGCC
 5 CAGAACTGCCCCCACTGTCCCCCTACCCACCGATGGAGCCCCCAGATAGAGCTGGGTGGCC
 TGTTCCTGCAGCCCTTGGGCAGTTCTCACTCCTAGGAGAGCCAACCTCGGCTTGTGGGCTGG
 TGCCCCACAGCTACCTGAGACGGGCATCGCAGGAGTCTCTGCCACCCACTCAGGATTGGGA
 ATTGTCTTTAGTGCCGGCTGTGGAGCAAAAGGCAGCTCACCCCTGGGCAGGCGGTCCCCAT
 CCCCACCAGCTCGTTTTTCAGCACCCCCACCCACCTCCACCCAGCCCCCTGGCACCTCCTCTG
 10 GCAGACTCCCCCTCCTACCAGTCCTCCTGGCCTGCATTCCCACCCCTCCTGCCAGCACAC
 AGCCTGGGGTCCCTCCCTCAGGGGCTGTAAGGGAAGGCCCCACCCCACTCTTACCAGGAGC
 TGCTACAGGCAGAGCCCAGCACTGATAGGGCCCCGCCACCGGGCCCCGCCACCCAGGC
 CACATCCCACCCATCTGGAAGTGAAGGCCAGGACTCCTCCAACAGACAACGGACGGAC
 GGATGCCGCTGGTGCTCAGGAAGAGCTAGTGCCTTAGGTGGGGGAAGGCAGGACTCACGA
 15 CTGAGAGAGAGAGGAGGGGATATGACCACCCTGCCCCATCTGCAGGAGCCTGAAGATCC
 AGCTCAAGTGCCATCCTGCCAGTGGCCCCCAGACTGTGGGGTTGGGACGCCTGGCCTCTGT
 GTCCTAGAAGGGACCCCTCCTGTGGTCTTTGTCTTGATTTTTCTTAATAAACGGTGCTATCCC
 CGCC
- 20 **GM2 activateur**
 SEQ ID 58 IPTGEPCPEP LRTYG
 SEQ ID 59 IESVLSSSGK RLG
 SEQ ID 60 ATPAQHLKK PSQLSSFS
- 25 **Saposine B**
 SEQ ID 61 RIQAMIPKGA LRVAV
 SEQ ID 62 GICQCLAERY SVILL
- 30 **Calgranuline B**
 SEQ ID 63 EKMHEGDEGP GHCHKPG
 SEQ ID 64 DLQNFLKKEN KNE
 SEQ ID 65 VKLGHPDTLN QGEFKEIVR
- 35 **Peptide muté 1**
 SEQ ID N° 68 FSWDNCFEGK DPAVIR
- 40 **Peptide muté 2**
 SEQ ID N° 66 TTYWSNTGGG AYAAYTGYTT YGARGGNAAR GAYCCNGCNG TNATHMGN
 SEQ ID N° 69 YSLPKSEFAV PDLELP
- 45 **Peptide muté 3**
 SEQ ID N° 67 TAYWSNYTNC CNAARWSNGA RTTYGCNGTN CCNGAYYTNG ARYTNCN
- 50 **Peptide muté 4**
 SEQ ID N° 69 > NAME = 'Reverse-Translation of PERLECAN' : TYPE = DNA
 GAYGCNCCNGGNCARTAYGGNGCNTAYTTYCAYGAYGAYGGNTTYTNGCNTTYCCNGGN
 CAYGTNTTYWSNMGNWSNYTNCCNGARGTNCCNGARACNATHGARYTNGARGTNMGNACN
 WSNACNGCNWSNGGNYTNYTNYTNTGGCARGGNGTNGARGTNGGNGARGCNGGNCARGGN
 AARGAYTTYATHWSNYTNGGNYTNCARGAYGGNCAYYTNGTNTTYMGNTAYCARYTNGGN
 WSNGGNGARGCNMGNYTNGTNWSNGARGAYCCNATHAAYGAYGGNGARTGGCAYMNGNT
 NACNGCNYTNMGNARGGNGMGNMGNNGGWSNMGNARGTNGAYGGNGARGARYTNGTN
 WSNGGNMGNWSNCCNGGNCNAAYGTNGCNGTNAAYGCNAARGGNWSNGTNTAYATHGG

NGGNGCNCCNGAYGTNGCNACNYTNACNCGGNGGNMGNTTYWSNWSNGGNATHACNGGNT
 GYGTNAARAAYYTNGTNYTNCAIWSNGCNMGNCCNCGGNGCNCCNCCNCARCCNYTNG
 AYYTNCARCAIYMGNGCNCARGCNGGNGCNAAYACNMGNCCNTGYCCNWSN

5

SEQ ID N° 70> NAME = 'Reverse-Translation of RBP ' : TYPE = DNA

ATGAARTGGGTNTGGGCNYTNYTNYTNYTNGCNGCNTGGGCNGCNGCNGARMGNGAYTGY
 MGNGTNWSNWSNTTYMGNGTNAARGARAAYTTYGAYAARGCNMGNTTYWSNGGNACNTG
 GTAYGCNATGGCNAARAARGAYCCNGARGGNYTNTTYTNCARGAYAAYATHGTNGCNGA
 10 RTTYWSNGTNGAYGARACNGGNCARATGWSNGCNACNGCNAARGGNMGNGTNMGNYTNY
 TNAAYAAITGGGAYGTNTGYGCNGAYATGGTNGGNACNTTYACNGAYACNGARGAYCCNG
 CNAARTTYAARATGAARTAYTGGGGNGTNGCNWSNTTYTNCARAARGGNAAYGAYGAYC
 AYTGGATHGTNGAYACNGAYTAYGAYACNTAYGCNGTNCARTAYWSNTGYMGNYTNYTNA
 AYYTNGAYGGNACNTGYGCNGAYWSNTAYWSNTTYGTNTTYWSNMGNGAYCCNAAYGGN
 15 YTNCCNCCNGARGCNCARAARATHGTNMGNCAARMGNCARGARGARYTNTGYTNGCNMGN
 CARTAYMGNYTNATHGTNCAIAYGGNTAYTGYGAYGGNMGNWSNGARMGNAAYYTNYT
 N

20 SEQ 71 > NAME = 'Reverse-Translation of GM2MUT F' : TYPE = DNA

ATGCARWSNYTNATGCARGCNCCNYTNYTNATHGCNYTNGGNYTNYTNYTNGCNACNCCN
 GCNCARGCNCAYYTNAARAARCCNWSNCARYTNWSNWSNTTYWSNTGGGAYAAITGYTTY
 GARGGNAARGAYCCNGCNGTNGATHMGNWSNYTNACNYTNGARCCNGAYCCNATHGTNGTN
 CCNGGNAAYGTNACNYTNWSNGTNGTNGGNWSNACNWSNGTNCNCTNYTNWSNWSNCCNYT
 25 NAARGTNGAYYTNGTNYTNGARAARGARGTNGCNGGNYTNTGGATHAARATHCCNTGYAC
 NGAYTAYATHGGNWSNTGYACNTTYGARCAITTYTGYGAYGTNYTNGAYATGYTNATHCC
 NACNGGNGARCCNTGYCCNGARCCNYTNMGNAACNTAYGGNYTNCNTGYCAITGYCCNTT
 YAARGARGGNACNTAYWSNYTNCNAARWSNGARTTYGCNGTNCNGAYYTNGARYTNCC
 NWSNTGGYTACNACNGGNAAYTAYMGNAATHGARWSNGTNYTNWSNWSNWSNGGNAARM
 30 GNYTNGGNTGYATHAARATHGCNGCNWSNYTNAARGGNATH

REVENDICATIONS

1. Utilisation d'au moins un polypeptide comprenant au moins un fragment d'une protéine pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5, SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ ID N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N° 20, SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID N° 28 et SEQ ID N° 29, et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité, de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 % d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à SEQ ID N° 8 et SEQ ID N° 10 à SEQ ID N° 29, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B.

2. Utilisation d'au moins deux polypeptides en combinaison, lesdits polypeptides comprenant chacun au moins un fragment d'une protéine, pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à une séquence peptidique choisie parmi SEQ ID N° 1 à SEQ ID N° 8 et SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 29, et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité, de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 % d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à SEQ ID N° 8 et SEQ ID N° 10 à SEQ ID N° 29, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une

même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B.

5 3. Utilisation d'au moins un polypeptide comprenant au moins un fragment d'une protéine pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ
10 ID N° 2, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 17 et SEQ ID N° 24 et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité, de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 % d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 17 et SEQ ID N° 24.

15

 4. Utilisation selon la revendication 3, de cinq polypeptides en combinaison, lesdits polypeptides comprenant chacun au moins un fragment d'une protéine, pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique
20 associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 17 et SEQ ID N° 24 et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité, de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 % d'identité avec l'une
25 quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 17 et SEQ ID N° 24.

 5. Utilisation selon l'une quelconque des revendications 1 à 4, caractérisée en ce que la séquence peptidique dudit polypeptide comprend une séquence choisie
30 parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 17 et SEQ ID N° 24.

6. Utilisation selon l'une quelconque des revendications 1 à 4, caractérisée en ce que la séquence peptidique dudit polypeptide consiste en une séquence choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 17
5 et SEQ ID N° 24.

7. Utilisation d'un fragment polypeptidique défini dans la revendication 1 ou dans la revendication 3 pour la préparation d'un peptide immunogène, caractérisé en ce que ledit peptide comprend tout ou partie d'au moins une des séquences référencée
10 SEQ ID N° 58 à 65.

8. Utilisation d'au moins un fragment nucléotidique, pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie
15 dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, selon laquelle ledit fragment nucléotidique est choisi parmi des fragments qui codent pour au moins un fragment d'une protéine, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5, SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 10,
20 SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ ID N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N° 20, SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID N° 28 et SEQ ID N° 29 et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité, de préférence au moins 80 % et avantageusement au moins 98 %
25 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à SEQ ID N° 8 et SEQ ID N° 10 à 29, les fragments complémentaires desdits fragments et les fragments qui codent pour les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisie parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur
30 du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B.

9. Utilisation selon la revendication 8, caractérisée en ce que ledit fragment nucléotidique code pour ladite protéine.

10. Utilisation selon la revendication 9, caractérisée en ce que la séquence peptidique de ladite protéine à l'état natif consiste en une séquence choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 1 à 8 et SEQ ID N° 10 à 29 et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B.

10

11. Utilisation d'au moins un fragment nucléotidique pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune selon laquelle ledit fragment est un fragment d'une séquence nucléique choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 30, SEQ ID N° 31, SEQ ID N° 32, SEQ ID N° 33, SEQ ID N° 34, SEQ ID N° 35, SEQ ID N° 36, SEQ ID N° 37, SEQ ID N° 38, SEQ ID N° 39, SEQ ID N° 40, SEQ ID N° 41, SEQ ID N° 42, SEQ ID N° 43, SEQ ID N° 44, SEQ ID N° 45, SEQ ID N° 46 et SEQ ID N° 47, SEQ ID N° 48, SEQ ID N° 49 et SEQ ID N° 50, SEQ ID N° 51, SEQ ID N° 52, SEQ ID N° 53, SEQ ID N° 54, SEQ ID N° 55, SEQ ID N° 56, SEQ ID N° 57, SEQ ID N° 67, SEQ ID N° 68, SEQ ID N° 69, SEQ ID N° 70 et SEQ ID N° 71 et leurs séquences complémentaires.

12. Utilisation d'un ligand spécifique d'un polypeptide ou d'un fragment nucléotidique selon l'une quelconque des revendications précédentes pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune.

25

13. Utilisation selon l'une quelconque des revendications précédentes, caractérisée en ce que la maladie dégénérative et/ou auto-immune est la sclérose en plaques.

5 14. Procédé pour détecter au moins une protéine associée à une maladie dégénérative et/ou auto-immune, dans un échantillon biologique, caractérisé en ce que l'on met en contact l'échantillon biologique avec au moins un ligand spécifique d'au moins un polypeptide, ledit polypeptide comprenant au moins un fragment d'une

10 l'état natif correspond à SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5, SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ ID N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N° 20, SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID

15 N° 28 et SEQ ID N° 29 et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à SEQ ID N° 8 et SEQ ID N° 10 à 29, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le

20 précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B, puis on détecte la formation d'un complexe entre ledit polypeptide et ledit ligand.

15 15. Procédé selon la revendication 14, caractérisé en ce que ledit ligand est un anticorps monoclonal, un anticorps polyclonal, un récepteur, un substrat d'activité enzymatique ou une enzyme dont ledit polypeptide est un cofacteur.

30 16. Procédé pour détecter au moins un ligand associé à une maladie dégénérative et/ou auto-immune, dans un échantillon biologique, caractérisé en ce que l'on met en contact l'échantillon biologique avec au moins un polypeptide comprenant au moins un fragment d'une protéine, ladite protéine étant choisie parmi les protéines

dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5 SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ ID N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N° 20, 5 SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID N° 28 et SEQ ID N° 29, les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité, de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 % d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à SEQ ID N° 8 et SEQ ID N° 10 à SEQ ID N° 29, et les 10 séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisie parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B, puis on détecte la formation d'un complexe entre ledit polypeptide et ledit ligand.

15

17. Procédé selon la revendication 16, caractérisé en ce que le ligand est un anticorps, un récepteur, un substrat d'activité enzymatique ou une enzyme dont ledit polypeptide est un cofacteur.

20

18. Procédé selon l'une quelconque des revendications 14 à 17, caractérisé en ce que la séquence dudit polypeptide comprend une séquence peptidique choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 1 à 8 et SEQ ID N° 10 à 29.

25

19. Procédé selon l'une quelconque des revendications 14 à 17, caractérisé en ce que la séquence dudit polypeptide consiste en une séquence peptidique choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 1 à 8 et SEQ ID N° 10 à 29.

20. Procédé selon l'une quelconque des revendications 14 à 19, caractérisé en ce que l'échantillon biologique est l'urine, le liquide céphalo-rachidien ou le sérum.

30

21. Procédé selon l'une quelconque des revendications 14 à 20, caractérisé en ce que la maladie dégénérative et/ou auto-immune est la sclérose en plaques.

5 22. Polypeptide caractérisé en ce qu'il comprend au moins un fragment d'une protéine dont la séquence peptidique correspond à SEQ ID N° 9, ledit fragment comprenant au moins une mutation par rapport à la séquence de référence SEQ ID N° 8.

23. Polypeptide selon la revendication 22, caractérisé en ce qu'il comprend au moins deux mutations par rapport à la séquence de référence SEQ ID N° 8.

10

24. Polypeptide selon la revendication 22, caractérisé en ce qu'il est choisi parmi les polypeptides qui comprennent la séquence en acides aminés FSWDNCFEGKDPVIR, référencée SEQ ID N° 68 et la séquence en acides aminés YSLPKSEFAVPDLELP, référencée SEQ ID N° 69.

15

25. Polypeptide selon l'une des revendications 22 à 24, caractérisé en ce qu'il comprend une protéine dont la séquence peptidique correspond à SEQ ID N° 9.

20 26. Polypeptide selon l'une des revendications 22 à 25, caractérisé en ce qu'il consiste en une protéine dont la séquence peptidique correspond à SEQ ID N° 9.

27. Utilisation d'au moins un polypeptide selon l'une quelconque des revendications 22 à 26 pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un
25 état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune.

28. Utilisation selon la revendication 26, caractérisée en ce que le polypeptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 22 à 26 est utilisé en
30 mélange avec au moins un polypeptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 1 à 5.

29. Procédé pour détecter au moins un ligand associé à une maladie dégénérative et/ou auto-immune, dans un échantillon biologique, caractérisé en ce que l'on met en contact l'échantillon biologique avec au moins un polypeptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 22 à 26, puis on détecte la formation d'un complexe entre ledit polypeptide et le ligand.

30. Procédé selon la revendication 29, caractérisé en ce que l'on met en contact l'échantillon biologique avec un polypeptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 22 à 26 et avec au moins un polypeptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 1 à 5.

31. Procédé selon la revendication 29 ou 30, caractérisé en ce que ledit ligand est un anticorps, un récepteur, un substrat d'activité enzymatique ou une enzyme dont ledit polypeptide est un cofacteur.

32. Procédé pour détecter au moins un polypeptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 22 à 26 dans un échantillon biologique caractérisé en ce que l'on met en contact l'échantillon biologique avec au moins un ligand spécifique dudit polypeptide, puis on détecte la formation d'un complexe entre ledit polypeptide et ledit ligand.

33. Procédé selon la revendication 32, caractérisé en ce que ledit ligand est anticorps monoclonal, un anticorps polyclonal, un récepteur, un substrat d'activité enzymatique ou une enzyme dont ledit polypeptide est un cofacteur.

34. Procédé selon la revendication 30 ou 31, caractérisé en ce que l'on met en contact l'échantillon biologique avec un ligand tel que défini dans l'une quelconque des revendications 31 et 33 et au moins un ligand spécifique d'au moins un polypeptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 1 à 5, puis on détecte la

formation de complexes entre lesdits polypeptides et lesdits ligands spécifiques desdits polypeptides.

35. Procédé selon la revendication 34, caractérisé en ce que le ligand est un anticorps monoclonal, un anticorps polyclonal, un récepteur, un substrat d'activité enzymatique ou une enzyme dont ledit polypeptide est un cofacteur.

36. Fragment nucléotidique caractérisé en ce qu'il code pour un polypeptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 22 à 26.

37. Utilisation d'un fragment nucléotidique pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou auto-immune, selon laquelle ledit fragment nucléotidique est le fragment nucléotidique défini dans la revendication 35, éventuellement en association avec au moins un fragment nucléotidique tel que défini dans l'une quelconque des revendications 8 à 11, et les fragments complémentaires desdits fragments.

38. Procédé selon l'une quelconque des revendications 29 à 35, caractérisé en ce que l'échantillon biologique est l'urine, le liquide céphalo-rachidien ou le sérum.

39. Procédé selon l'une quelconque des revendications 29 à 36 caractérisé en ce que la maladie dégénérative et/ou auto-immune est la sclérose en plaques.

40. Procédé pour détecter au moins un polypeptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 1 à 5 ou dans l'une quelconque des revendications 22 à 26, selon lequel on prélève un échantillon d'un fluide biologique d'un patient présentant un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune et éventuellement après purification dudit échantillon de fluide biologique, on analyse par spectrométrie de masse le profil de masse obtenu à partir du fluide biologique et on compare à un profil de masse de référence.

41. Utilisation d'au moins un polypeptide comprenant au moins un fragment d'une protéine pour tester l'efficacité d'un agent thérapeutique, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à
5 SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5, SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 9, SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ ID N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N° 20, SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID N° 28 et
10 SEQ ID N° 29, les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisie parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au
15 rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B.

42. Utilisation d'au moins un polypeptide comprenant au moins un fragment d'une protéine pour définir un matériel biologique pour la préparation d'une
20 composition pharmaceutique destinée au traitement d'une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, telle que la sclérose en plaques, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5, SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 9, SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ ID N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID
25 N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N° 20, SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID N° 28 et SEQ ID N° 29, les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec
30 l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de

protéines choisie parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline et de la saposine.

5 43. Utilisation selon la revendication 41 ou 42, caractérisée en ce que le polypeptide est choisi parmi SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24.

 44. Utilisation d'au moins un fragment nucléotidique, pour tester l'efficacité d'un agent thérapeutique pour un état pathologique associé à une maladie
10 dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, selon laquelle ledit fragment nucléotidique est choisi parmi les fragments qui codent pour au moins un fragment d'une protéine, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5, SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 9, SEQ
15 ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ ID N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N° 20, SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID N° 28 et SEQ ID N° 29, les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité, de préférence au moins 80 % et avantageusement
20 au moins 98 % d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, et les fragments complémentaires desdits fragments et les fragments qui codent pour les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisie parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de
25 la calgranuline B et de la saposine B.

 45. Utilisation pour tester l'efficacité d'un agent thérapeutique pour un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, de protéines recombinantes et/ou codées par tout ou partie des fragments
30 nucléotidiques définis à la revendication 44.

46. Utilisation d'au moins un fragment nucléotidique pour la préparation d'une composition pharmaceutique destinée au traitement d'une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, telle que la sclérose en plaques, selon laquelle ledit fragment nucléotidique est choisi parmi des fragments qui codent pour au moins un
5 fragment d'une protéine, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5, SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 9, SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ ID N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N°
10 20, SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID N° 28 et SEQ ID N° 29, les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité, de préférence au moins 80 % et avantageusement au moins 98 % d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, et les fragments complémentaires desdits fragments et
15 les fragments qui codent pour les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisie parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B.

20 47. Utilisation pour la préparation d'une composition pharmaceutique destinée au traitement d'une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, telle que la sclérose en plaques, de protéines recombinantes et/ou codées par tout ou partie des fragments nucléotidiques définis à la revendication 46.

25 48. Utilisation selon la revendication 44 ou 46, caractérisée en ce que ledit fragment nucléotidique code pour ladite protéine.

49. Utilisation selon la revendication 48, caractérisée en ce que la séquence peptidique de ladite protéine à l'état natif consiste en une séquence choisie parmi l'une
30 quelconque des SEQ ID N° 1 à 29, les séquences peptidiques qui présentent au moins

70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B.

50. Utilisation selon la revendication 49, caractérisée en ce que les polypeptides sont choisis parmi SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24.

10

51. Utilisation d'au moins un fragment nucléotidique, pour tester l'efficacité d'un agent thérapeutique pour un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune selon laquelle ledit fragment est un fragment d'une séquence nucléique choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 30, SEQ ID N° 31, SEQ ID N° 32, SEQ ID N° 33, SEQ ID N° 34, SEQ ID N° 35, SEQ ID N° 36, SEQ ID N° 37, SEQ ID N° 38, SEQ ID N° 39, SEQ ID N° 40, SEQ ID N° 41, SEQ ID N° 42, SEQ ID N° 43, SEQ ID N° 44, SEQ ID N° 45, SEQ ID N° 46 et SEQ ID N° 47, SEQ ID N° 48, SEQ ID N° 49 et SEQ ID N° 50, SEQ ID N° 51, SEQ ID N° 52, SEQ ID N° 53, SEQ ID N° 54, SEQ ID N° 55, SEQ ID N° 56, SEQ ID N° 57, SEQ ID N° 66, SEQ ID N° 67, SEQ ID N° 68, SEQ ID N° 69, SEQ ID N° 70, SEQ ID N° 71, et leurs séquences complémentaires.

52. Utilisation d'au moins un fragment nucléotidique pour la préparation d'une composition pharmaceutique destinée au traitement d'une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, telle que la sclérose en plaques selon laquelle ledit fragment est un fragment d'une séquence nucléique choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 30, SEQ ID N° 31, SEQ ID N° 32, SEQ ID N° 33, SEQ ID N° 34, SEQ ID N° 35, SEQ ID N° 36, SEQ ID N° 37, SEQ ID N° 38, SEQ ID N° 39, SEQ ID N° 40, SEQ ID N° 41, SEQ ID N° 42, SEQ ID N° 43, SEQ ID N° 44, SEQ ID N° 45, SEQ ID N° 46 et SEQ ID N° 47, SEQ ID N° 48, SEQ ID N° 49 et SEQ ID N° 50, SEQ ID N° 51, SEQ ID N° 52, SEQ ID N° 53, SEQ ID N° 54, SEQ ID N° 55, SEQ ID N°

30

56, SEQ ID N° 57, SEQ ID N° 66, SEQ ID N°67, SEQ ID N° 68, SEQ ID N° 69, SEQ ID N°70 , SEQ ID N° 71, et leurs séquences complémentaires.

5 53. Utilisation selon la revendication 51 ou 52, caractérisée en ce que la séquence nucléique est choisie parmi SEQ ID N° 30, 31, 42, 53.

54. Utilisation de la lycorine pour la préparation d'une composition pour la prévention et/ou le traitement de maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune.

De préférence, ledit fragment nucléotidique code pour une protéine qui à l'état natif consiste en une séquence choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N°s 1 à 8 et SEQ ID N°s 10 à 29 précitées, et parmi les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B.

Un autre objet de l'invention est l'utilisation d'au moins un fragment nucléotidique pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune selon laquelle ledit fragment est un fragment d'une séquence nucléique choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 30, SEQ ID N° 31, SEQ ID N° 32, SEQ ID N° 33, SEQ ID N° 34, SEQ ID N° 35, SEQ ID N° 36, SEQ ID N° 37, SEQ ID N° 38, SEQ ID N° 39, SEQ ID N° 40, SEQ ID N° 41, SEQ ID N° 42, SEQ ID N° 43, SEQ ID N° 44, SEQ ID N° 45, SEQ ID N° 46 et SEQ ID N° 47, SEQ ID N° 48, SEQ ID N° 49 et SEQ ID N° 50, SEQ ID N° 51, SEQ ID N° 52, SEQ ID N° 53, SEQ ID N° 54, SEQ ID N° 55, SEQ ID N° 56, SEQ ID N° 57, SEQ ID N° 67, SEQ ID N° 66, SEQ ID N° 69, SEQ ID N° 70 et SEQ ID N° 71 et leurs séquences complémentaires.

20

L'invention concerne également l'utilisation d'un ligand spécifique d'un polypeptide ou d'un fragment nucléotidique tel que défini ci dessus pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou auto-immune.

25

Par ligand, on entend toute molécule susceptible de s'associer au polypeptide, tel que un anticorps monoclonal, un anticorps polyclonal, un récepteur, un substrat d'activité enzymatique, une enzyme dont ledit polypeptide est un co-facteur. La production d'anticorps polyclonaux et monoclonaux fait partie des connaissances générales de l'homme du métier. On peut citer à titre de référence Köhler G. et Milstein C. (1975) : Continuous culture of fused cells secreting antibody of predefined

30

peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B.

5 L'invention concerne également un nouveau polypeptide qui comprend au moins un fragment d'une protéine dont la séquence peptidique correspond à SEQ ID N° 9, ledit fragment présentant au moins une mutation, en particulier au moins deux mutations par rapport à la séquence de référence SEQ ID N° 8. Le polypeptide est
10 avantageusement choisi parmi les polypeptides qui comprennent la séquence en acides aminés FSWDNCFEGKDPVIR, référencée SEQ ID N° 68 et la séquence en acides aminés YSLPKSEFAVPDLELP, référencée SEQ ID N° 72.

En particulier, ledit polypeptide comprend ou consiste en SEQ ID N° 9. Ce polypeptide est utilisé pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un
15 état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou auto-immune, seul ou en mélange avec au moins un polypeptide tel que défini précédemment.

L'un des objet de l'invention est également un fragment nucléotidique qui code pour le fragment de la protéine dont la séquence peptidique correspond à SEQ ID N° 9, ledit fragment de ladite protéine présentant au moins une mutation, en particulier
20 deux mutations par rapport à la séquence de référence SEQ ID N° 8. Ledit fragment nucléotidique, en particulier, comprend ou consiste en un fragment qui code pour SEQ ID N° 9. Ce fragment est utilisé pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou auto-immune, seul ou en
25 mélange avec au moins un fragment nucléotidique tel que défini précédemment.

L'invention a aussi pour objet un procédé pour détecter au moins un ligand associé à une maladie dégénérative et/ou auto-immune, dans un échantillon biologique, selon lequel on met en contact l'échantillon biologique avec au moins le polypeptide qui comprend ou consiste en SEQ ID N° 9 ou un mélange de polypeptides comprenant ce
30 polypeptide et au moins un polypeptide tel que décrit ci dessus, puis on détecte la formation d'un complexe ou de complexes entre le ou les polypeptides et le ou les

- Utilisation pour la préparation d'une composition pharmaceutique destinée au traitement d'une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, telle que la sclérose en plaques, de protéines recombinantes et/ou codées par tout ou partie des fragments nucléotidiques définis au paragraphe précédent ;

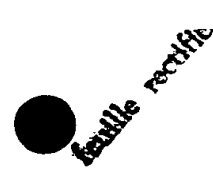
5 Avantageusement, ledit fragment nucléotidique utilisé code pour ladite protéine ;

De préférence, la séquence peptidique de ladite protéine à l'état natif consiste en une séquence choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 1 à 29, les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins
10 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B. Les
15 polypeptides sont préférentiellement choisis parmi SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24.

- Utilisation d'au moins un fragment nucléotidique, pour tester l'efficacité d'un agent thérapeutique pour un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune selon laquelle ledit fragment est un fragment d'une séquence nucléique choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 30, SEQ ID
20 N° 31, SEQ ID N° 32, SEQ ID N° 33, SEQ ID N° 34, SEQ ID N° 35, SEQ ID N° 36, SEQ ID N° 37, SEQ ID N° 38, SEQ ID N° 39, SEQ ID N° 40, SEQ ID N° 41, SEQ ID N° 42, SEQ ID N° 43, SEQ ID N° 44, SEQ ID N° 45, SEQ ID N° 46 et SEQ ID N° 47, SEQ ID N° 48, SEQ ID N° 49 et SEQ ID N° 50, SEQ ID N° 51, SEQ ID N° 52, SEQ ID N° 53, SEQ ID N° 54, SEQ ID N° 55, SEQ ID N° 56, SEQ ID N° 57, SEQ ID N°
25 66, SEQ ID N° 67, SEQ ID N° 69, SEQ ID N° 70, SEQ ID N° 71, et leurs séquences complémentaires.

- Utilisation d'au moins un fragment nucléotidique pour la préparation d'une composition pharmaceutique destinée au traitement d'une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, telle que la sclérose
30 en plaques selon laquelle ledit fragment est un fragment d'une séquence nucléique choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 30, SEQ ID N° 31, SEQ ID N° 32, SEQ

- GCCACGCCCCAGCCCGACAATGTCGAGTATATTATTATTAATATTATTATGAATTTTGTAA
 GAAACCGAGGCGATGCCACGCTTTGCTGCTACCGCCCTGGGCTGGACTGGAGGTGGGCATG
 CCACCCTCACACACACAGCTGGGCAAAGCCACAAGGCTGGCCAGCAAGGCAGGTTGGATG
 GGAGTGGGCACCTCAGAAAGTCACCAGGACTTGGGGTCAGGAACAGTGGCTGGGTGGGCC
 5 CAGAACTGCCCCCACTGTCCCCCTACCCACCGATGGAGCCCCCAGATAGAGCTGGGTGGCC
 TGTTTCTGCAGCCCTTGGGCAGTTCTCACTCCTAGGAGAGCCAACCTCGGCTTGTGGGCTGG
 TGCCCCACAGCTACCTGAGACGGGCATCGCAGGAGTCTCTGCCACCCACTCAGGATTGGGA
 ATTGTCTTTAGTGCCGGCTGTGGAGCAAAAGGCAGCTCACCCCTGGGCAGGCGGTCCCCAT
 CCCCACAGCTCGTTTTTTCAGCACCCCCACCCACCTCCACCCAGCCCCTGGCACCTCCTCTG
 10 GCAGACTCCCCCTCCTACCACGTCTCCTGGCCTGCATTCCCACCCCCTCCTGCCAGCACAC
 AGCCTGGGGTCCCTCCCTCAGGGGCTGTAAGGGAAGGCCCAACCCCACTCTACCAGGAGC
 TGCTACAGGCAGAGCCAGCACTGATAGGGCCCCGCCACCGGGCCCCGCCACCCAGGC
 CACATCCCCACCCATCTGGAAGTGAAGGCCAGGGACTCCTCCAACAGACAACGGACGGAC
 GGATGCCGCTGGTGTCTAGGAAGAGCTAGTGCCTTAGGTGGGGGAAGGCAGGACTCACGA
 15 CTGAGAGAGAGAGGGGGGATATGACCACCCCTGCCCATCTGCAGGAGCCTGAAGATCC
 AGCTCAAGTGCCATCCTGCCAGTGGCCCCCAGACTGTGGGGTTGGGACGCCTGGCCTCTGT
 GTCCTAGAAGGGACCCTCCTGTGGTCTTTGTCTTGATTTTCTTAATAAACGGTGCTATCCC
 CGCC
- 20 **GM2 activateur**
 SEQ ID 58 IPTGEPCPEP LRTYG
 SEQ ID 59 IESVLSSSGK RLG
 SEQ ID 60 ATPAQHLKK PSQLSSFS
- 25 **Saposine B**
 SEQ ID 61 RIQAMIPKGA LRVAV
 SEQ ID 62 GICQCLAERY SVILL
- Calgranuline B**
 30 SEQ ID 63 EKMHEGDEGP GHHHKPG
 SEQ ID 64 DLQNFLKKEN KNE
 SEQ ID 65 VKLGHPDTLN QGEFKELVR
- 35 **Peptide muté 1**
 SEQ ID N° 68 FSWDNCFEGK DPA VIR
- 40 **Peptide muté 2**
 SEQ ID N° 72 YSLPKSEFAV PDLELP
- 45 **SEQ ID N° 67 TAYWSNYTNC CNAARWSNGA RTTYGCNGTN CCNGAYYTNG ARYTNCN**
 SEQ ID N° 69 > NAME = 'Reverse-Translation of PERLECAN' : TYPE = DNA
 GAYGCNCCNGGNCARTAYGGNGCNTAYTTYCAYGAYGGNTTYTNGCNTTYCCNGGN
 CAYGTNTTYWSNMGNWSNYTNCCNGARGTNCCNGARACNATHGARYTNGARGTNMGNAACN
 50 WSNACNGCNWSNGGNYTNYTNTTGGCARGGNGTNGARGTNGGNGARGCNGGNCARGGN
 AARGAYTTYATHWSNYTNGGNYTNCARGAYGGNCAYYTNGTNTTYMGNTAYCARYTNGGN
 WSNGGNGARGCNMGNYTNGTNWSNGARGAYCCNATHAAYGAYGGNGARTGGCAYMNGNT
 NACNGCNYTNGMGNGARGGNMGNMGNNGGNWSNMGNCAARGTNAYGGNGARGARYTNGTN
 WSNGGNMGNWSNCCNGGNCNAAYGTNGCNGTNAAYGCNAARGGNWSNGTNTAYATHGG



9. Utilisation selon la revendication 8, caractérisée en ce que ledit fragment nucléotidique code pour ladite protéine.

5 10. Utilisation selon la revendication 9, caractérisée en ce que la séquence peptidique de ladite protéine à l'état natif consiste en une séquence choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 1 à 8 et SEQ ID N° 10 à 29 et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B.

10

11. Utilisation d'au moins un fragment nucléotidique pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune selon laquelle ledit fragment est un
15 fragment d'une séquence nucléique choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 30, SEQ ID N° 31, SEQ ID N° 32, SEQ ID N° 33, SEQ ID N° 34, SEQ ID N° 35, SEQ ID N° 36, SEQ ID N° 37, SEQ ID N° 38, SEQ ID N° 39, SEQ ID N° 40, SEQ ID N° 41, SEQ ID N° 42, SEQ ID N° 43, SEQ ID N° 44, SEQ ID N° 45, SEQ ID N° 46 et SEQ ID N° 47, SEQ ID N° 48, SEQ ID N° 49 et SEQ ID N° 50, SEQ ID N° 51, SEQ ID N°
20 52, SEQ ID N° 53, SEQ ID N° 54, SEQ ID N° 55, SEQ ID N° 56, SEQ ID N° 57, SEQ ID N° 67, SEQ ID N° 66, SEQ ID N° 69, SEQ ID N° 70 et SEQ ID N° 71 et leurs séquences complémentaires.

12. Utilisation d'un ligand spécifique d'un polypeptide ou d'un fragment
25 nucléotidique selon l'une quelconque des revendications précédentes pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune.

21. Procédé selon l'une quelconque des revendications 14 à 20, caractérisé en ce que la maladie dégénérative et/ou auto-immune est la sclérose en plaques.

5 22. Polypeptide caractérisé en ce qu'il comprend au moins un fragment d'une protéine dont la séquence peptidique correspond à SEQ ID N° 9, ledit fragment comprenant au moins une mutation par rapport à la séquence de référence SEQ ID N° 8.

23. Polypeptide selon la revendication 22, caractérisé en ce qu'il comprend au moins deux mutations par rapport à la séquence de référence SEQ ID N° 8.

10

24. Polypeptide selon la revendication 22, caractérisé en ce qu'il est choisi parmi les polypeptides qui comprennent la séquence en acides aminés FSWDNCFEGKDPVIR, référencée SEQ ID N° 68 et la séquence en acides aminés YSLPKSEFAVPDLELP, référencée SEQ ID N° 72.

15

25. Polypeptide selon l'une des revendications 22 à 24, caractérisé en ce qu'il comprend une protéine dont la séquence peptidique correspond à SEQ ID N° 9.

26. Polypeptide selon l'une des revendications 22 à 25, caractérisé en ce qu'il consiste en une protéine dont la séquence peptidique correspond à SEQ ID N° 9.

20

27. Utilisation d'au moins un polypeptide selon l'une quelconque des revendications 22 à 26 pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune.

25

28. Utilisation selon la revendication 26, caractérisée en ce que le polypeptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 22 à 26 est utilisé en mélange avec au moins un polypeptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 1 à 5.

30



70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B.

50. Utilisation selon la revendication 49, caractérisée en ce que les polypeptides sont choisis parmi SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24.

10

51. Utilisation d'au moins un fragment nucléotidique, pour tester l'efficacité d'un agent thérapeutique pour un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune selon laquelle ledit fragment est un fragment d'une séquence nucléique choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 30, SEQ ID N° 31, SEQ ID N° 32, SEQ ID N° 33, SEQ ID N° 34, SEQ ID N° 35, SEQ ID N° 36, SEQ ID N° 37, SEQ ID N° 38, SEQ ID N° 39, SEQ ID N° 40, SEQ ID N° 41, SEQ ID N° 42, SEQ ID N° 43, SEQ ID N° 44, SEQ ID N° 45, SEQ ID N° 46 et SEQ ID N° 47, SEQ ID N° 48, SEQ ID N° 49 et SEQ ID N° 50, SEQ ID N° 51, SEQ ID N° 52, SEQ ID N° 53, SEQ ID N° 54, SEQ ID N° 55, SEQ ID N° 56, SEQ ID N° 57, SEQ ID N° 66, SEQ ID N° 67, SEQ ID N° 69, SEQ ID N° 70, SEQ ID N° 71, et leurs séquences complémentaires.

52. Utilisation d'au moins un fragment nucléotidique pour la préparation d'une composition pharmaceutique destinée au traitement d'une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, telle que la sclérose en plaques selon laquelle ledit fragment est un fragment d'une séquence nucléique choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 30, SEQ ID N° 31, SEQ ID N° 32, SEQ ID N° 33, SEQ ID N° 34, SEQ ID N° 35, SEQ ID N° 36, SEQ ID N° 37, SEQ ID N° 38, SEQ ID N° 39, SEQ ID N° 40, SEQ ID N° 41, SEQ ID N° 42, SEQ ID N° 43, SEQ ID N° 44, SEQ ID N° 45, SEQ ID N° 46 et SEQ ID N° 47, SEQ ID N° 48, SEQ ID N° 49 et SEQ ID N° 50, SEQ ID N° 51, SEQ ID N° 52, SEQ ID N° 53, SEQ ID N° 54, SEQ ID N° 55, SEQ ID N°

56, SEQ ID N° 57, SEQ ID N° 66, SEQ ID N° 67, SEQ ID N° 69, SEQ ID N° 70 , SEQ ID N° 71, et leurs séquences complémentaires.

53. Utilisation selon la revendication 51 ou 52, caractérisée en ce que la
5 séquence nucléique est choisie parmi SEQ ID N° 30, 31, 42, 53.

54. Utilisation de la lycorine pour la préparation d'une composition pour la
prévention et/ou le traitement de maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-
immune.

Avantageusement les cinq polypeptides qui répondent à la définition précédente sont utilisés en combinaison.

De préférence, la séquence peptidique dudit polypeptide comprend, ou consiste en une séquence choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 17 et SEQ ID N° 24.

L'invention concerne encore l'utilisation *d'au moins* un fragment d'un des polypeptiques précités pour la préparation d'un peptide immunogène, ledit peptide comprenant tout ou partie d'au moins une des séquences référencées SEQ ID N°s 58 à 65 et étant utilisé pour la production d'anticorps monoclonaux.

L'invention a également pour objet, l'utilisation *d'au moins* un fragment nucléotidique, pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou auto-immune, selon laquelle ledit fragment nucléotidique est choisi parmi des fragments qui codent pour au moins un fragment d'une protéine, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5, SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ ID N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N° 20, SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID N° 28 ET SEQ ID N° 29 et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité, de préférence au moins 80 % et avantageusement au moins 98 % d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques ci dessus, et les fragments complémentaires desdits fragments, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B. Il est à la portée de l'homme du métier de déterminer les séquences nucléiques des fragments nucléotidiques à partir des séquences peptidiques et du code génétique, ceci faisant partie de ses connaissances générales.

Avantageusement, le fragment nucléotidique précité code pour ladite protéine.

peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B.

De préférence, l'échantillon biologique est l'urine, le liquide de céphalo-
5 rachidien ou le sérum.

L'invention concerne également un nouveau polypeptide qui comprend au moins un fragment d'une protéine dont la séquence peptidique correspond à SEQ ID N° 9, ledit fragment présentant au moins une mutation, en particulier au moins deux mutations par rapport à la séquence de référence SEQ ID N° 8. Le polypeptide est
10 avantageusement choisi parmi les polypeptides qui comprennent la séquence en acides aminés FSWDNCFEGKDPVIR, référencée SEQ ID N° 68 et la séquence en acides aminés YSLPKSEFAVPDLELP, référencée SEQ ID N° 69.

En particulier, ledit polypeptide comprend ou consiste en SEQ ID N° 9. Ce polypeptide est utilisé pour obtenir une composition diagnostique, pronostique,
15 prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou auto-immune, seul ou en mélange avec au moins un polypeptide tel que défini précédemment.

L'un des objet de l'invention est également un fragment nucléotidique qui code pour le fragment de la protéine dont la séquence peptidique correspond à SEQ ID
20 N° 9, ledit fragment de ladite protéine présentant au moins une mutation, en particulier deux mutations par rapport à la séquence de référence SEQ ID N° 8. Ledit fragment nucléotidique, en particulier, comprend ou consiste en un fragment qui code pour SEQ ID N° 9. Ce fragment est utilisé pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, prévenir ou traiter un
25 état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou auto-immune, seul ou en mélange avec au moins un fragment nucléotidique tel que défini précédemment.

L'invention a aussi pour objet un procédé pour détecter au moins un ligand associé à une maladie dégénérative et/ou auto-immune, dans un échantillon biologique, selon lequel on met en contact l'échantillon biologique avec au moins le polypeptide qui
30 comprend ou consiste en SEQ ID N° 9 ou un mélange de polypeptides comprenant ce polypeptide et au moins un polypeptide tel que décrit ci dessus, puis on détecte la

formation d'un complexe ou de complexes entre le ou les polypeptides et le ou les ligands correspondants ; étant entendu que par ligand on entend une molécule qui répond aux conditions précitées.

5 L'invention concerne également un procédé pour détecter au moins le polypeptide référence SEQ ID N° 9 ou un fragment dudit polypeptide, ce fragment comprenant au moins une et de préférence deux mutations par rapport à la séquence de référence SEQ ID N°8, dans un échantillon biologique selon lequel on met en contact l'échantillon biologique avec au moins un ligand spécifique dudit polypeptide, puis on détecte la formation d'un complexe entre ledit polypeptide et ledit ligand. La définition
10 de ligand correspond à celle définie précédemment. Il peut s'agir entre autres d'un anticorps monoclona l , d'un anticorps polyclonal, d'un substrat d'activité enzymatique, ou d'une enzyme dont ledit polypeptide est un cofacteur, d'un récepteur.

On peut également mettre en contact l'échantillon biologique avec un ligand spécifique du polypeptide référence SEQ ID N°9 et au moins un ligand spécifique d'au moins un
15 autre polypeptide tel que défini précédemment, puis on détecte la formation de complexes entre lesdits polypeptides et lesdits ligands spécifiques desdits polypeptides ; étant entendu que par ligand on entend une molécule qui répond aux conditions décrites précédemment.

De préférence, l'échantillon biologique est l'urine, le liquide de céphalo-rachidien ou le sérum.

20 Un autre objet de l'invention est un fragment nucléotidique codant pour tout ou partie du polypeptide SEQ ID N° 9, et son utilisation pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou auto-immune, éventuellement en association avec au moins un fragment nucléotidique tel que défini
25 précédemment, et les fragments complémentaires desdits fragments.

Par fragment polypeptidique, on entend au moins tout ou partie de la séquence peptidique d'une protéine, en particulier un fragment polypeptique qui comprend environ entre 5 et 15 acides aminés et plus précisément environ entre 5 et 10 acides aminés et 6 et 15 acides aminés. Et par fragment nucléotidique, on entend au
30 moins tout ou partie d'une séquence nucléotidique, étant entendu que par séquence nucléotidique, sont couvertes les séquences ADN et ARN.

ID N° 33, SEQ ID N° 34, SEQ ID N° 35, SEQ ID N° 36, SEQ ID N° 37, SEQ ID N° 38, SEQ ID N° 39, SEQ ID N° 40, SEQ ID N° 41, SEQ ID N° 42, SEQ ID N° 43, SEQ ID N° 44, SEQ ID N° 45, SEQ ID N° 46 et SEQ ID N° 47, SEQ ID N° 48, SEQ ID N° 49 et SEQ ID N° 50, SEQ ID N° 51, SEQ ID N° 52, SEQ ID N° 53, SEQ ID N° 54, SEQ ID N° 55, SEQ ID N° 56, SEQ ID N° 57, SEQ ID N° 66, SEQ ID N° 67, SEQ ID N° 69, SEQ ID N° 70, SEQ ID N° 71, et leurs séquences complémentaires.

La séquence nucléique est de préférence choisie parmi SEQ ID N° 30, 31, 42, 53.

10 - Utilisation de la lycorine pour la préparation d'une composition pour la prévention et/ou le traitement de maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune.

Par efficacité thérapeutique, on entend le bénéfice clinique et biologique acquis après administration d'un agent thérapeutique en vue d'une amélioration, voire d'une guérison de la maladie. Ce bénéfice se traduit entre autre par une diminution des signes cliniques, biologiques, et des effets pathologiques de la maladie après une analyse clinique par le médecin et/ou des analyses biologiques, telles que imagerie par résonance magnétique, analyse des bandes oligoclonales dans le liquide céphalorachidien, analyse de potentiels évoqués et le test de détection de gliotoxité appelé bio-essai, dont le principe est décrit dans la demande de brevet WO 98/11439 précédemment citée. Cette diminution des signes cliniques et effets pathologiques doit entraîner un bénéfice pour le patient (Schwartz et Lazar, 1995, Elements de statistique médicale et biologique, eds Flammarion ; Lazar et Schwartz, 1995, Eléments de statistique médicale et biologique, eds Flammarion). La maladie étudiée de préférence est la sclérose en plaques.

On entend par composition à usage prophylactique et/ou thérapeutique, toute composition qui comprend un agent thérapeutiquement efficace. Ces agents thérapeutiques sont capables (i) d'influencer de manière qualitative et/ou quantitative l'activité biologique et/ou la fonction des protéines d'intérêt identifiées dans la présente invention, de préférence l'activité gliotoxique et/ou (ii) de moduler et/ou d'inhiber l'expression de ces protéines et/ou (iii) de diminuer la concentration de ces protéines

REVENDICATIONS

1. Utilisation d'au moins un polypeptide comprenant au moins un fragment
5 d'une protéine pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique
ou thérapeutique destinée à détecter, prévenir ou traiter un état pathologique associé à
une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, ladite protéine étant
choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ
ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5, SEQ ID N° 6, SEQ
10 ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13,
SEQ ID N° 14, SEQ ID N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID
N° 19, SEQ ID N° 20, SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24,
SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID N° 28 et SEQ ID N° 29, et les
séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité, de préférence au moins
15 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 % d'identité avec l'une quelconque des
séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à SEQ ID N° 8 et SEQ ID N° 10 à SEQ ID N° 29,
et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une
même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine
plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de
20 la calgranuline B et de la saposine B.

2. Utilisation d'au moins deux polypeptides en combinaison, lesdits
polypeptides comprenant chacun au moins un fragment d'une protéine, pour obtenir une
composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à
25 détecter, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative
et/ou neurologique et/ou auto-immune, ladite protéine étant choisie parmi les protéines
dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à une séquence peptidique choisie
parmi SEQ ID N° 1 à SEQ ID N° 8 et SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 29, et les séquences
peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité, de préférence au moins 80 %
30 d'identité et avantageusement au moins 98 % d'identité avec l'une quelconque des
séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à SEQ ID N° 8 et SEQ ID N° 10 à SEQ ID N° 29,

et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B.

5

3. Utilisation d'au moins un polypeptide comprenant au moins un fragment d'une protéine pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, ladite protéine étant
10 choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 17 et SEQ ID N° 24 et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité, de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 % d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 17 et
15 SEQ ID N° 24.

4. Utilisation selon la revendication 3, de cinq polypeptides en combinaison, lesdits polypeptides comprenant chacun au moins un fragment d'une protéine, pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou
20 thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 17 et SEQ ID N° 24 et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité, de préférence
25 au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 % d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 17 et SEQ ID N° 24.

5. Utilisation selon l'une quelconque des revendications 1 à 4, caractérisée
30 en ce que la séquence peptidique dudit polypeptide comprend une séquence choisie

parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 17 et SEQ ID N° 24.

5 6. Utilisation selon l'une quelconque des revendications 1 à 4, caractérisée en ce que la séquence peptidique dudit polypeptide consiste en une séquence choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 17 et SEQ ID N° 24.

10 7. Utilisation d'un fragment polypeptidique défini dans la revendication 1 ou dans la revendication 3 pour la préparation d'un peptide immunogène, caractérisé en ce que ledit peptide comprend tout ou partie d'au moins une des séquences référencées SEQ ID N° 58 à 65.

15 8. Utilisation d'au moins un fragment nucléotidique, pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, selon laquelle ledit fragment nucléotidique est choisi parmi des fragments qui codent pour au moins un fragment d'une protéine, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence
20 peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5, SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ ID N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N° 20, SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID
25 N° 27, SEQ ID N° 28 et SEQ ID N° 29 et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité, de préférence au moins 80 % et avantageusement au moins 98 % d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à SEQ ID N° 8 et SEQ ID N° 10 à 29, les fragments complémentaires desdits fragments et les fragments qui codent pour les séquences peptidiques ou les fragments desdites
30 séquences appartenant à une même famille de protéines choisie parmi le perlecan, le

précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B.

5 9. Utilisation selon la revendication 8, caractérisée en ce que ledit fragment nucléotidique code pour ladite protéine.

10 10. Utilisation selon la revendication 9, caractérisée en ce que la séquence peptidique de ladite protéine à l'état natif consiste en une séquence choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 1 à 8 et SEQ ID N° 10 à 29 et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B.

15 11. Utilisation d'au moins un fragment nucléotidique pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune selon laquelle ledit fragment est un fragment d'une séquence nucléique choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 30, SEQ ID N° 31, SEQ ID N° 32, SEQ ID N° 33, SEQ ID N° 34, SEQ ID N° 35, SEQ ID
20 N° 36, SEQ ID N° 37, SEQ ID N° 38, SEQ ID N° 39, SEQ ID N° 40, SEQ ID N° 41, SEQ ID N° 42, SEQ ID N° 43, SEQ ID N° 44, SEQ ID N° 45, SEQ ID N° 46 et SEQ ID N° 47, SEQ ID N° 48, SEQ ID N° 49 et SEQ ID N° 50, SEQ ID N° 51, SEQ ID N° 52, SEQ ID N° 53, SEQ ID N° 54, SEQ ID N° 55, SEQ ID N° 56, SEQ ID N° 57, SEQ ID N° 67, SEQ ID N° 68, SEQ ID N° 69, SEQ ID N° 70 et SEQ ID N° 71 et leurs
25 séquences complémentaires.

12. Utilisation d'un ligand spécifique d'un polypeptide ou d'un fragment nucléotidique selon l'une quelconque des revendications précédentes pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à
30 détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune.

13. Utilisation selon l'une quelconque des revendications précédentes, caractérisée en ce que la maladie dégénérative et/ou auto-immune est la sclérose en plaques.

5

14. Procédé pour détecter au moins une protéine associée à une maladie dégénérative et/ou auto-immune, dans un échantillon biologique, caractérisé en ce que l'on met en contact l'échantillon biologique avec au moins un ligand spécifique d'au moins un polypeptide, ledit polypeptide comprenant au moins un fragment d'une protéine et ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5, SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ ID N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N° 20, SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID N° 28 et SEQ ID N° 29 et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 % d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à SEQ ID N° 8 et SEQ ID N° 10 à 29, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B, puis on détecte la formation d'un complexe entre ledit polypeptide et ledit ligand.

25

15. Procédé selon la revendication 14, caractérisé en ce que ledit ligand est un anticorps monoclonal, un anticorps polyclonal, un récepteur, un substrat d'activité enzymatique ou une enzyme dont ledit polypeptide est un cofacteur.

30

16. Procédé pour détecter au moins un ligand associé à une maladie dégénérative et/ou auto-immune, dans un échantillon biologique, caractérisé en ce que l'on met en contact l'échantillon biologique avec au moins un polypeptide comprenant

au moins un fragment d'une protéine, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5 SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ ID
5 N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N° 20, SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID N° 28 et SEQ ID N° 29, les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité, de préférence au moins 80 % d'identité et
avantageusement au moins 98 % d'identité avec l'une quelconque des séquences
10 peptidiques SEQ ID N° 1 à SEQ ID N° 8 et SEQ ID N° 10 à SEQ ID N° 29, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisie parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B, puis on détecte la formation d'un complexe entre
15 ledit polypeptide et ledit ligand.

17. Procédé selon la revendication 16, caractérisé en ce que le ligand est un anticorps, un récepteur, un substrat d'activité enzymatique ou une enzyme dont ledit polypeptide est un cofacteur.

20

18. Procédé selon l'une quelconque des revendications 14 à 17, caractérisé en ce que la séquence dudit polypeptide comprend une séquence peptidique choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 1 à 8 et SEQ ID N° 10 à 29.

25 19. Procédé selon l'une quelconque des revendications 14 à 17, caractérisé en ce que la séquence dudit polypeptide consiste en une séquence peptidique choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 1 à 8 et SEQ ID N° 10 à 29.

20. Procédé selon l'une quelconque des revendications 14 à 19, caractérisé
30 en ce que l'échantillon biologique est l'urine, le liquide céphalo-rachidien ou le sérum.

21. Procédé selon l'une quelconque des revendications 14 à 20, caractérisé en ce que la maladie dégénérative et/ou auto-immune est la sclérose en plaques.

22. Polypeptide caractérisé en ce qu'il comprend au moins un fragment
5 d'une protéine dont la séquence peptidique correspond à SEQ ID N° 9, ledit fragment comprenant au moins une mutation par rapport à la séquence de référence SEQ ID N° 8.

23. Polypeptide selon la revendication 22, caractérisé en ce qu'il comprend au moins deux mutations par rapport à la séquence de référence SEQ ID N° 8.

10

24. Polypeptide selon la revendication 22, caractérisé en ce qu'il est choisi parmi les polypeptides qui comprennent la séquence en acides aminés FSWDNCFEGKDPVIR, référencée SEQ ID N° 68 et la séquence en acides aminés YSLPKSEFAVPDLELP, référencée SEQ ID N° 69.

15

25. Polypeptide selon l'une des revendications 22 à 24, caractérisé en ce qu'il comprend une protéine dont la séquence peptidique correspond à SEQ ID N° 9.

26. Polypeptide selon l'une des revendications 22 à 24, caractérisé en ce
20 qu'il consiste en une protéine dont la séquence peptidique correspond à SEQ ID N° 9.

27. Utilisation d'au moins un polypeptide selon l'une quelconque des revendications 22 à 26 pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un
25 état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune.

28. Utilisation selon la revendication 27, caractérisée en ce que le polypeptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 22 à 26 est utilisé en
30 mélange avec au moins un polypeptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 1 à 5.

29. Procédé pour détecter au moins un ligand associé à une maladie dégénérative et/ou auto-immune, dans un échantillon biologique, caractérisé en ce que l'on met en contact l'échantillon biologique avec au moins un polypeptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 22 à 26, puis on détecte la formation d'un complexe entre ledit polypeptide et le ligand.

30. Procédé selon la revendication 29, caractérisé en ce que l'on met en contact l'échantillon biologique avec un polypeptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 22 à 26 et avec au moins un polypeptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 1 à 5.

31. Procédé selon la revendication 29 ou 30, caractérisé en ce que ledit ligand est un anticorps, un récepteur, un substrat d'activité enzymatique ou une enzyme dont ledit polypeptide est un cofacteur.

32. Procédé pour détecter au moins un polypeptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 22 à 26 dans un échantillon biologique caractérisé en ce que l'on met en contact l'échantillon biologique avec au moins un ligand spécifique dudit polypeptide, puis on détecte la formation d'un complexe entre ledit polypeptide et ledit ligand.

33. Procédé selon la revendication 32, caractérisé en ce que ledit ligand est anticorps monoclonal, un anticorps polyclonal, un récepteur, un substrat d'activité enzymatique ou une enzyme dont ledit polypeptide est un cofacteur.

34. Procédé selon la revendication 32 ou 33, caractérisé en ce que l'on met en contact l'échantillon biologique avec un ligand tel que défini dans l'une quelconque des revendications 31 et 33 et au moins un ligand spécifique d'au moins un polypeptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 1 à 5, puis on détecte la

formation de complexes entre lesdits polypeptides et lesdits ligands spécifiques desdits polypeptides.

5 35. Procédé selon la revendication 34, caractérisé en ce que le ligand est un anticorps monoclonal, un anticorps polyclonal, un récepteur, un substrat d'activité enzymatique ou une enzyme dont ledit polypeptide est un cofacteur.

36. Fragment nucléotidique caractérisé en ce qu'il code pour un polypeptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 22 à 26.

10

37. Utilisation d'un fragment nucléotidique pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou auto-immune, selon laquelle ledit fragment nucléotidique est le
15 fragment nucléotidique défini dans la revendication 36, éventuellement en association avec au moins un fragment nucléotidique tel que défini dans l'une quelconque des revendications 8 à 11, et les fragments complémentaires desdits fragments.

38. Procédé selon l'une quelconque des revendications 29 à 35, caractérisé
20 en ce que l'échantillon biologique est l'urine, le liquide céphalo-rachidien ou le sérum.

39. Procédé selon l'une quelconque des revendications 29 à 35 caractérisé en ce que la maladie dégénérative et/ou auto-immune est la sclérose en plaques.

25 40. Procédé pour détecter au moins un polypeptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 1 à 5 ou dans l'une quelconque des revendications 22 à 26, selon lequel on prélève un échantillon d'un fluide biologique d'un patient présentant un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune et éventuellement après purification dudit échantillon de fluide biologique, on
30 analyse par spectrométrie de masse le profil de masse obtenu à partir du fluide biologique et on compare à un profil de masse de référence.

41. Utilisation d'au moins un polypeptide comprenant au moins un fragment d'une protéine pour tester l'efficacité d'un agent thérapeutique, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à

5 SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5, SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 9, SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ ID N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N° 20, SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID N° 28 et

10 SEQ ID N° 29, les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisie parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au

15 rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B.

42. Utilisation d'au moins un polypeptide comprenant au moins un fragment d'une protéine pour la préparation d'une composition pharmaceutique destinée

20 au traitement d'une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, telle que la sclérose en plaques, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5, SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 9, SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ

25 ID N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N° 20, SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID N° 28 et SEQ ID N° 29, les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des

30 séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisie parmi le

perlacan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline et de la saposine.

43. Utilisation selon la revendication 41 ou 42, caractérisée en ce que le
5 polypeptide est choisi parmi SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24.

44. Utilisation d'au moins un fragment nucléotidique, pour tester
l'efficacité d'un agent thérapeutique pour un état pathologique associé à une maladie
dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, selon laquelle ledit fragment
10 nucléotidique est choisi parmi les fragments qui codent pour au moins un fragment
d'une protéine, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence
peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ
ID N° 4, SEQ ID N° 5, SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 9, SEQ
ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ ID N°
15 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N° 20,
SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID
N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID N° 28 et SEQ ID N° 29, les séquences peptidiques qui
présentent au moins 70 % d'identité, de préférence au moins 80 % et avantageusement
au moins 98 % d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N°
20 1 à 29, et les fragments complémentaires desdits fragments et les fragments qui codent
pour les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une
même famille de protéines choisie parmi le perlacan, le précurseur de la protéine
plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de
la calgranuline B et de la saposine B.

25

45. Utilisation pour tester l'efficacité d'un agent thérapeutique pour un
état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-
immune, de protéines recombinantes et/ou codées par tout ou partie des fragments
nucléotidiques définis à la revendication 44.

30

46. Utilisation d'au moins un fragment nucléotidique pour la préparation d'une composition pharmaceutique destinée au traitement d'une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, telle que la sclérose en plaques, selon laquelle ledit fragment nucléotidique est choisi parmi des fragments qui codent pour au moins un
5 fragment d'une protéine, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5, SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 9, SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ ID N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N°
10 20, SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID N° 28 et SEQ ID N° 29, les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité, de préférence au moins 80 % et avantageusement au moins 98 % d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, et les fragments complémentaires desdits fragments et
15 les fragments qui codent pour les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisie parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B.

20 47. Utilisation pour la préparation d'une composition pharmaceutique destinée au traitement d'une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, telle que la sclérose en plaques, de protéines recombinantes et/ou codées par tout ou partie des fragments nucléotidiques définis à la revendication 46.

25 48. Utilisation selon la revendication 44 ou 46, caractérisée en ce que ledit fragment nucléotidique code pour ladite protéine.

49. Utilisation selon la revendication 48, caractérisée en ce que la séquence peptidique de ladite protéine à l'état natif consiste en une séquence choisie parmi l'une
30 quelconque des SEQ ID N° 1 à 29, les séquences peptidiques qui présentent au moins

70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B.

50. Utilisation selon la revendication 49, caractérisée en ce que les polypeptides sont choisis parmi SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24.

10

51. Utilisation d'au moins un fragment nucléotidique, pour tester l'efficacité d'un agent thérapeutique pour un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune selon laquelle ledit fragment est un fragment d'une séquence nucléique choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 30, SEQ ID N° 31, SEQ ID N° 32, SEQ ID N° 33, SEQ ID N° 34, SEQ ID N° 35, SEQ ID N° 36, SEQ ID N° 37, SEQ ID N° 38, SEQ ID N° 39, SEQ ID N° 40, SEQ ID N° 41, SEQ ID N° 42, SEQ ID N° 43, SEQ ID N° 44, SEQ ID N° 45, SEQ ID N° 46 et SEQ ID N° 47, SEQ ID N° 48, SEQ ID N° 49 et SEQ ID N° 50, SEQ ID N° 51, SEQ ID N° 52, SEQ ID N° 53, SEQ ID N° 54, SEQ ID N° 55, SEQ ID N° 56, SEQ ID N° 57, SEQ ID N° 66, SEQ ID N° 67, SEQ ID N° 68, SEQ ID N° 69, SEQ ID N° 70, SEQ ID N° 71, et leurs séquences complémentaires.

52. Utilisation d'au moins un fragment nucléotidique pour la préparation d'une composition pharmaceutique destinée au traitement d'une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, telle que la sclérose en plaques selon laquelle ledit fragment est un fragment d'une séquence nucléique choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 30, SEQ ID N° 31, SEQ ID N° 32, SEQ ID N° 33, SEQ ID N° 34, SEQ ID N° 35, SEQ ID N° 36, SEQ ID N° 37, SEQ ID N° 38, SEQ ID N° 39, SEQ ID N° 40, SEQ ID N° 41, SEQ ID N° 42, SEQ ID N° 43, SEQ ID N° 44, SEQ ID N° 45, SEQ ID N° 46 et SEQ ID N° 47, SEQ ID N° 48, SEQ ID N° 49 et SEQ ID N° 50, SEQ ID N° 51, SEQ ID N° 52, SEQ ID N° 53, SEQ ID N° 54, SEQ ID N° 55, SEQ ID N°

FEUILLE RECTIFIÉE

56, SEQ ID N° 57, SEQ ID N° 66, SEQ ID N°67, SEQ ID N° 68, SEQ ID N° 69, SEQ ID N°70 , SEQ ID N° 71, et leurs séquences complémentaires.

53. Utilisation selon la revendication 51 ou 52, caractérisée en ce que la
5 séquence nucléique est choisie parmi SEQ ID N° 30, 31, 42, 53.

54. Utilisation de la lycorine pour la préparation d'une composition pour la prévention et/ou le traitement de maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune.

avec la SEQ ID N° 8 du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2 et le fragment de SEQ ID N° 9 qui commence à l'acide aminé 34 et se termine à l'acide aminé 202 présente 98,88 % d'homologie ou d'identité avec le fragment correspondant de la protéine native identifiée en SEQ ID N° 8.

5

Exemple 10 : Mise en évidence des protéines dans un échantillon urinaire.

Des échantillons d'urine provenant d'un individu SEP négatif et d'un patient SEP positif ont été prélevés. Ces échantillons d'urine ont été purifiés selon le protocole décrit précédemment. Les fractions d'élution finales 21 ont été analysées
 10 séparément par spectrométrie de masse. Le profil de masse de chaque fraction correspondant à chaque échantillon d'urine a été comparé au profil de masse obtenu pour les protéines identifiées dans les exemples précédents. Les résultats montrent que pour l'échantillon d'urine provenant du patient SEP positif les masses correspondent aux molécules (i) fragment C-terminal du Perlecan, (ii) précurseur de la protéine
 15 activatrice du ganglioside GM2, (iii) calgranuline B et (iv) saposine B identifiées précédemment. Par contre aucune de ces masses n'a été identifiée dans le profil de masse obtenu après analyse de l'échantillon d'urine provenant de l'individu SEP négatif. Le procédé décrit est utilisable comme essai de diagnostic.

20

Exemple 11 : Essai en Western Blot.

Des Western Blot ont été réalisés sur différentes fractions d'urine brute ou purifiée comme décrit dans l'exemple 2. Des échantillons d'urine provenant d'individus sains et de patients atteints de sclérose en plaques sont testés en parallèle. Les échantillons sont déposés sur un gel d'électrophorèse permettant de séparer les
 25 différentes protéines en fonction de leur masse moléculaire sous l'action d'un champ électrique. Les Western Blot sont réalisés après transfert des protéines du gel sur une membrane. Pour révéler les protéines transférées, la membrane est saturée en tampon de saturation, puis incubée avec un anticorps directement marqué à la phosphatase alcaline. L'anticorps utilisé est un anticorps anti-calgranuline (anticorps monoclonal de souris,
 30 clone CF 145 sous-type IgG 2b commercialisé par la société Valbiotech : référence MAS 696p lot PC96G696). Le substrat de l'enzyme est le dichlorure de 3,3'-(1,1'-

biphényl)4,4'diazonium et 2-naphtalényl phosphate de sodium (commercialisé sous la dénomination β Naphtyl acid phosphate Sigma ref N7375 et δ dianisine Tetrazotized D3502) est ajouté pour la révélation des bandes et la visualisation des protéines liées à l'anticorps. Une molécule de masse moléculaire apparente d'environ 14 000 est révélée
 5 dans les urines purifiées de patients atteints de SEP, avec un signal relativement intense. Cette protéine correspond à la calgranuline B (masse moléculaire apparente : 14 kD). Par contre, aucun signal n'est observé à partir d'urine d'individus sains. Cette observation confirme la présence de cette protéine spécifiquement dans les urines de patients atteints de SEP et la mise en œuvre d'un procédé de détection utilisant un
 10 anticorps reconnaissant la protéine.

Exemple 12 : Production d'anticorps monoclonaux.

La production d'anticorps monoclonaux par ascite impose une compatibilité du système H-2 entre l'hybridome et la souris productrice. 20 souris
 15 femelles Balb/c, âgées de 6 semaines, subissent une injection de 0.5ml de Pristane (2-6-10-14 acide tétraméthylpentadécane) dans leur cavité péritonéale, pour la production d'ascite (Porter et al., 1972). Une semaine à 10 jours plus tard, $5 \cdot 10^6$ à $10 \cdot 10^6$ hybridomes dilués dans 0.5ml de tampon stérile NaCl 0.145M, Na_2HPO_4 10 mM, KCL 2.7 mM, KH_2PO_4 1.5 mM à pH 7.4. sont injectés par voie intrapéritonéale. L'ascite
 20 apparaît une à deux semaines plus tard. Les liquides d'ascites présents dans la cavité péritonéale sont alors recueillis avec une seringue après incision du péritoine. Le liquide recueilli est centrifugé à 3000g pendant 15 minutes à température ambiante, filtré sur gaze pour éliminer le gras, puis tamponné en ajoutant $1/20^{\text{ème}}$ de son volume de tris-HCL 1M à pH 8.0. Cette méthode permet d'obtenir des quantités d'anticorps 10 fois
 25 supérieures à celles obtenues par culture d'hybridomes.

Les immunoglobulines présentes dans le liquide d'ascite sont relarguées par les sels (sulfate d'ammonium ou sulfate de sodium). Le liquide d'ascite est précipité par le sulfate d'ammonium 40%. Après 20 minutes au froid la solution est centrifugée 15 minutes 8000g à 4°C. Le précipité est lavé et resuspendu à froid dans une solution de
 30 sulfate d'ammonium 40% puis de nouveau centrifugé. Le nouveau précipité enrichi en IgG est remis en solution dans du tampon PBS et dialysé la nuit contre le tampon Tris-

HCl 25 mM, NaCl 150 mM pH 7.4. Parallèlement une colonne d'agarose-Protéine A (ou protéine G) (commercialisée sous forme lyophilisée, Pierce) est lavée extensivement avec le tampon Tris-HCl 25 mM, NaCl 150mM pH7.4. La solution enrichie en IgG est déposée sur la colonne puis la colonne est lavée. Les IgG retenues par la colonne sont
 5 éluées à pH acide (glycine 200 mM pH 2.8). Les fractions éluées sont neutralisées avec un volume de Tris-Base 1M pH 10.5. Le contenu en immunoglobulines de chaque fraction recueillie est quantifiée par lecture d'absorbance à 280 nm ($e 1\%, 1\text{cm} = 14.0$ Prahl et Porter 1968). Les fractions riches sont poolées. Le degré de purification des IgGs poolées est analysé par électrophorèse en gel d'acrylamide en présence de SDS.
 10 Les IgGs purifiées sont dialysées une nuit contre le tampon Tris-HCl 25 mM, NaCl 150mM pH7.4, filtrées stérilement, aliquotées et conservées à -20°C . leur concentration finale est déterminée par lecture de l'absorbance à 280 nm ou par dosage micro-BCA. Les peptides immunogènes référencés SEQ ID N° 58, SEQ ID N° 54, SEQ ID N° 55, SEQ ID N° 56, SEQ ID N° 57, SEQ ID N° 58, SEQ ID N° 59 et SEQ ID N° 65 ont
 15 été utilisés pour la production d'anticorps monoclonaux, selon le protocole décrit ci dessus.

Mais, il est à la portée de l'homme du métier de définir d'autres protocoles pour la production d'anticorps monoclonaux, par exemple à partir des techniques décrites par Köhler et Milstein et par Galfre G. *et al.* précédemment cités ou des
 20 techniques dérivées de celles ci.

Exemple 13 : Mesure de l'activité des cellules T par prolifération des cellules T (Sredni et al., 1981).

Les cellules T sont lavées deux fois en milieu de culture pour éliminer toute
 25 trace d'IL2 présente dans le milieu initial de culture. Des lymphocytes B (EBV-LCL) ou des monocytes/macrophages pris comme cellules présentatrices de l'antigène, sont irradiées à 10000 rads, lavées deux fois avec du milieu de culture (RPMI). $2 \cdot 10^4$ cellules T ($2 \cdot 10^5$ cellules /ml) et $2 \cdot 10^4$ cellules B autologues irradiées ($2 \cdot 10^5$ cellules /ml) sont incubées ensemble en présence d'une gamme de concentration croissante de l'antigène
 30 sous un volume final de 200 μl dans des micropuits. Après 48 heures de culture à 37°C , 1 μCi de ^3H - thymidine dans 50 μl de milieu RPMI est ajouté dans chaque puits. Les

cellules T, seules à se diviser, incorporent la thymidine tritiée dans l'ADN. Après 18 heures de culture, les cellules de chaque micropuits sont récoltées sur des pastilles de laine de verre par aspiration. Après lyse osmotique des cellules, la radioactivité incorporée dans l'ADN est absorbée sur les pastilles (cell Harvester 530, Inotech).

- 5 Chaque pastille séchée est placée dans un tube plastique qui contient 2 ml de scintillant ; la radioactivité adsorbée sur chacune des pastilles est quantifiée dans un compteur beta à scintillation liquide (LKB Rackbeta 1217). Les résultats sont exprimés comme moyenne arithmétique de cpm /culture ('coups par minute').

- 10 Exemple 14 : Protocole de détection de l'association entre les peptides et les molécules d'histocompatibilité (approche APC transformées avec un peptide se fixant au CMH I).

1) Matériel :

- Les sources de molécules d'histocompatibilité sont actuellement de deux
15 types principaux : les cellules mutantes et les molécules d'histocompatibilité purifiées.

- La cellule mutante utilisée est la cellule humaine T2 qui est un variant de la lignée T1 produite par fusion du lymphome T CEM et du lymphome B 721.174 (Salter and Cresswell Embo J 1986, 5: 943-949). Cette cellule qui est dépourvue de transporteurs de peptides contient des chaînes lourdes de molécules de classe I libres de
20 peptides qui vont pouvoir accepter de peptides exogènes.

- Des molécules d'histocompatibilité de classe I purifiées par chromatographie d'affinité à partir de lignées de cellules B humaines transformées par l'EBV peuvent être également utilisées. Dans ce cas les peptides endogènes doivent être éliminés par un traitement avec de l'urée 1.5 M et de la soude 12.5 mM (pH 11.7)
25 pendant 1 heure à 4°C, suivi de leur élimination par une colonne de désalage (PDLO, Pharmacia). Les molécules d'histocompatibilité sont immédiatement remises en présence des peptides à tester dans un tampon PBS avec 0.05% Tween 20, 2 mM EDTA, 0.1% NP40 et 6 mM CHAPS, en présence de 2 µg/ml B2m pour faciliter la réassociation (Gnjatic et al., Eur J Immunol 1995 25 : 1638-1642).

Les peptides testés ont en général 8 à 10 résidus, parfois 11 ou 12. Ils ont été synthétisés par Néosystems (Strasbourg), ou par Chiron mimotopes (Victoria, Australie). Ils sont utilisés à des concentrations variant de 100 μ M à 0.1 nM.

2) Protocole de l'assemblage (Connan et al., Eur J Immunol 1994, 24 : 777 ; Couillin et al. Eur J Immunol 1995, 25 : 728-732).

Des aliquotes de 8.105 cellules dans un volume de 64 μ l, répartis dans des tubes microfuge Eppendorf, sont mis en présence d'un tampon de lyse contenant 10 mM PBS, pH 7.5 1% NP40, des inhibiteurs de protéases (1 mM PMSF, 100 μ M iodoacétamide, 2 μ g /ml aprotinine, 10 μ M leupeptine, 10 μ M pepstatine et 10 μ g/ml inhibiteur de trypsine). La lyse se fait en présence des peptides à tester pendant 30 minutes ou 1 heure à 37°C. Après élimination du matériel non solubilisé par une centrifugation à 15 000 tours /minute à 4°C, le surnageant est additionné de 140 μ l de PBS contenant 0.05% de Tween 20, 3 mM d'azide de sodium, 1 mM PMSF et 10 mg /ml d'albumine bovine. Chaque échantillon est incubé pendant 20 heures à 4°C dans 2 puits d'une plaque à microtitration de type Nunc,Maxisorb, préalablement recouverts d'un anticorps monoclonal (10 μ g /ml en PBS) qui reconnaît les molécules d'histocompatibilité ayant une(des) conformation(s) conforme(s) pour la présentation de peptides et semblable(s) à celle(s) présente(s) à la surface des cellules. La plaque recouverte d'anticorps est préalablement saturée par de l'albumine bovine à 10 mg /ml dans du PBS-Tween avant la mise de l'échantillon. Le second anticorps qui permet la détection de l'assemblage des molécules d'histocompatibilité est dirigé contre la B2m. Il est couplé soit à la biotine (NHS-LC biotin, Pierce) soit à la phosphatase alcaline (P-552, Sigma) et est incubé à 2 μ g /ml pendant une heure à 37°C. Dans le cas de l'emploi de la biotine, une incubation de 45 minutes à 20-25°C avec de la streptavidine couplée à la phosphatase alcaline (E-2636, Sigma) est réalisée. L'activité de la phosphatase alcaline est mesurée en utilisant comme substrat le 4-méthyl-umbelliféryl-phosphate (M-8883, Sigma) à 100 μ M dans de la diéthanolamine 50 mM, pH 9.5 avec du $MgCl_2$ 1 mM. La lecture est faite à 340/460 nm à l'aide d'un cytofluorimètre.

3) Stabilité des complexes HLA/peptides :

La stabilité des complexes précités a été étudiée car elle conditionne la bonne présentation de l'antigène et l'induction de la réponse T. A cet effet, on a utilisé

soit du HLA purifié, soit le lysat de la cellule T2. Avec le HLA purifié, on a éliminé les peptides endogènes (comme décrit en 2)) puis on l'a mis en présence du peptide à tester en tube Eppendorf à 37°C, pendant des temps variables de quelques minutes à plusieurs jours. La phase suivante d'incubation sur plaque de 96 puits (comme décrit en 2) avec l'anticorps anti-HLA se fait pendant une heure à 37°C. La révélation est effectuée de manière classique. Avec le lysat de la cellule T2, toutes les incubations sont également faites à 37°C, après ajout de tous les inhibiteurs de protéases.

Exemple 15 : Technique d'immunohistologie.

Les coupes histologique préparées en paraffine sont déparaffinées en xylène et alcool avant de subir un prétraitement qui a pour but de démasquer les antigènes ; ce prétraitement peut correspondre à (i) deux fois 5 minutes sous micro-onde (750W) en présence d'un tampon citrate de sodium, acide citrique, (ii) un traitement à l'acide par incubation 15 minutes dans une solution d'acide périodique 1% ou par incubation 5 minutes dans une solution d'acide formique 99%. Les peroxydases endogènes sont ensuite bloquées par incubation des lames 30 minutes en eau oxygénée 1% puis lavage extensif en eau pendant 15 minutes. Le bruit de fond est bloqué en incubant les lames 30 minutes en présence de PBS Triton 0.03%, 10% serum Donkey (pour les anticorps polyclonaux) ou 10% serum Goat (pour les anticorps monoclonaux). Un marquage avec l'anticorps primaire est réalisé en appliquant 100 à 200 µl de solution d'anticorps primaire par lame (0.5 à 5 µg /ml selon le titre) dans du PBS Triton 0.03% puis en incubant 2 heures à température ambiante. Les lames sont ensuite rincées 3 fois en PBS-Triton pendant 10 minutes. Un marquage anticorps secondaire est réalisé en utilisant des anticorps biotinylés capables de se fixer spécifiquement aux anticorps primaires, par exemples des anti-IgG de lapin ou anti-IgG de souris dilués dans du PBS-Triton 0.03%. les lames sont lavées et incubées dans une solution pendant 2 heures (2 µl complexe streptavidine-biotine-peroxydes, 1600 µl PBS-Triton 0.03%). Les lames sont de nouveau lavées avant d'être révélées à l'abri de la lumière dans le tampon A puis rincées à l'eau avant observation microscopique. Tampon A pour 5 lames : 25 ml Tris 0.05M pH 7.6, 2.5 ml Imidazole 1M, 15 ml eau stérile, 2 ml DAB 5 mg /ml, 5 ml Nickel d'ammonium 10%, 30 µl H₂O₂ 1%.

LISTE DE SEQUENCES

SEQ ID N° 1 : séquence complète du Perlecan:>gi|1730508|sp|P98160|PGBM_HUMAN BASEMENT
MEMBRANE-SPECIFIC HEPARAN SULFATE

5 PROTEOGLYCAN CORE PROTEIN PRECURSOR (HSPG) (PERLECAN) (PLC)
MGWRAPGALLLALLHGRLLAVTHGLRAYDGLSLPEDIETVTASQMRWTHSYLSDDMLADS
ISGDDLGSGLDGSQDFQMVFYFRALVNFTRISIEYSPQLEDAGSREFREVSEA VVDTLSEYKIPG
DQVVS VVFIKELDGWVVELDVGSEGNADGAQIQEMLLRVISSGSVASYVTSPQGFQFRR LGTV
10 PQFPRACTEAEFACHSYNECVALEYRCDRRPDCRDMSELDNCEEPVLGISPTFSLLVETTS LPPRP
ETTIMRQPPVTHAPQPLPGSVRPLPCGPQEAACRNHGHCIPRDYLCDGQEDCEDGSDELDCGPPP
PCEPNEFPCGNHGHCALKLWRCGDGDFCEDRTDEANCPTKRPEE VCGPTQFRCVSTNMCIPASFH
CDEESDCPDRSDEFGCMPPQVVTTPRESIQASRGQTVTFTCVAIGVPAPFLINWRLNWGHIPSQPR
VTVTSEGGRTLIIRDVKESDQGAYTCEAMNARGMVFGIPDGVLELVPQRAGPCPDGHFYLEHS
15 AACLPFCFCGITSVCQSTRFRDQIRLRFDPDDFKGVNVTMPAQPGTPPLSSTQLQIDPSLHEFQ
LVDLSRRFLVHDSFWALPEQFLGNKVDSYGGSLRYNVRYELARGMLEPVQRPDVVLVGAGYRL
LSRGHTPTQPGALNQRQVQFSEEHVWHESGRPVQRAELLQVLQSLA VLIQT VYNTKMASVGLS
DIAMDTTVTHATSHGRAHSVEECRCPIGYSGLSCESCDAHFTRVPGGPYLGTCSGCSCNGHASSC
DPVYGHCLNCQHNTGEPQCKKCKAGFFGDAMKATATSCRPCPCPYIDASRRFSDTCFLD TDGQ
ATCDACAPGYTGRRCESCAPGYEGNPIQPGGKCRPVNQEI VRC DERGSMGTSGEACRCKNNVV
20 GRLCNECADRSFHLSTRNPDGCLKCFMGVSRHCTSSWSRAQLHGASEEPGHFSLTNAASTHT
TNEGIFSPTPGELGFSSFHRLLSGPYFWSLPSRFLGDKVTSYGGELRFTVTQRSQPGSTPLHGQPLV
VLQGNJIIEHHVAQEPSGPQSTFIVPFREQA WQRPDGQPATREHLLMALAGIDTLLIRASYAQ
QPAESRVSGISMDVAVPEETGQDPALEVEQCSCPPGYRGPSCQDCDTGYTRTPSGLYLGT CERC
CHGHSEACEPETGACQGCQHHTGEPQCEQCQPGYYGDAQRGTPQDCQLCPCYGDPAAGQAAH
25 TCFLD TDGHPTCDACSPGHSGRHCERCAPGYGNPSQGGQPCQRDSQVPGPIGCNCDPQGSVSSQ
CDAAGQCQCKAQVEGLTCSHCRPHHFLSASNPDGCLPCFCMGITQQCASSAYTRHLISTHFAP
GDFQGFALVNPQRNSRLTGEFTVEPVPEGAQLSFGNFAQLGHESFYWQLPETYQGDKVAAYGG
KLRYTLSYTAGPQGSPLSDPDVQITGNNIMLVASQPALQGPERRSYEIMFREEFWRRPDGQPATR
EHLMLALADLDELLIRATFSSVPLVASISAVSLEVAQPGPSNRPRALEVEECRCPPGYIGLSCQDC
30 APGYTRTGSGLYLGHCELCENGHSDLCHPETGACSQCQHNAAGEFCELCAPGYYGDATA GT
EDCQPCACPLTNPENMFSRTCESLGAGGYRCTACEPGYTQYCEQCGPGYVGNPSVQGGQCLP
ETNQAPLVVEVHPARSIVPQGGSHSLRCQVSGRGPHYFYWSREDGRPVPSGTQQRHQGSELHFPS
VQPSDAGVYICTCRNLHRSNTSRAELLVTEAPSKPITVTVEEQRSQSVRPGADVTFICTAKSKSPA
YTLVWTRLHNGKLPTRAMDFNGILTIRNVQLSDAGTYVCTGSNMFAMDQGTATLHVQASGTLS
35 APVVSIIHPQLTVQPGQLAEFRCSATGSPTPTLEWTGGPGGQLPAKAQIHGGILRLPAVEPTDQA
QYLCRAHSSAGQQVARAVLHVHGGGGPRVQVSPERTQVHAGRTVRLYCRAAGVPSATITWRK
EGGSLPPQARSERTDIATLLIPAITTADAGFYLCVATSPAGTAQARIQVVLSASDASQPPVKESS
SPSVTEGQTLDLNLCVAGSAHAQVTWYRRGGSLPHHTQVHGSRLRLPVLSADSGEYVCRVEN
GSGPKEASITVSVLHGTHSGPSYTPVPGSTRPIRIEPSSSHVAECQTLDLNLCVVPQAHAQVTWH
40 KRGGSLPARHQTHGSLRLHQVTPADSGEYVCHVVGTSQPLEASVLVTIEASVIPGPIPPVRIESS
STVAEGQTLDLSCV VAGQAHAQVTWYKRGGSLPARHQVVRGSRLYIFQASPADAGQYVCRASN
GMEASITVTVTGTQGANLAYPAGSTQPIRIEPSSSQVAEGQTLDLNLCVVPQGSHAQVTWHKRGG
SLPVRHQTHGSLRLLYQASPADSGEYVCRVLGSSVPLEASVLVTIEPAGSVPALGVTPTVRIESS
SQVAEGQTLDLNCLVAGQAHAQVTWHKRGGSLPARHQVHGSRLRLHQVTPADSGEYVCRVVG
45 SSGTQEASVLVTIQRLSGSHSQGVAYPVRIESSASLANGHTLDLNLCLVASQAPHTITWYKRGG
SLPSRHQIVGSRLRIPQVTPADSGEYVCHVSNAGAGSRETSLIVTIQGS GSSHVPRVSPPIRIESSPT
VVEGQTLDLNLCVVARQPQAII TWYKRGGSLPSRHQTHGSLRLHQMSVADSGEYVCRANNID
ALEASIVISVSPSAGSPSAPGSSMPIRIESSSHVAEGETLDLNCVVPQAHAQVTWHKRGGSLPS
YHQTRGSRLRLHHVSPADSGEYVCRVMGSSQPLEASVLVTIEASGSSAVHVPAPGGAPPIRIEPSS
50 SRVAEGQTLDLKCVVPQAHAQVTWHKRGGNLPARHQVHGPLLRLNQVSPADSGEYSCQVTG
SSGTLEASVLVTIEPSSGPIAPGLAQPIYIEASSHVTEGQTLDLNLCVVPQAHAQVTWYKRGG
SLPARHQTHGSLRLHHVSPADSGEYVCRAAGGPGEQEASFTVTVPSEGSYRLRSPVISIDPP
SSTVQQGQDASFKCLIHGDAAPISLEWKTRNQELEDNVHISPNGSIITIVGTRPSNHGTYRCVASN
AYGVAQSVVNLSVHGPPTVSVLPEGPVWVKVGKAVTLECVSAGEPRSSARWTRISSTPAKLEQR

TYGLMDSHTVLQISSAKPSDAGTYVCLAQNALGTAQKQVEVIVDTGAMAPGAPQVQAEAEALT
 VEAGHTATLRCSATGSPARTIHWSKLSPLWQHRLEGDTLIIPRVAQQDSGQYICNATSPAGHA
 EATIILHVESPPYATTVPHEASVQAGETVQLQCLAHGTPPLTFQWSRVGSSLPGRATARNELLHF
 ERAAPEDSGRYRCRVTNKVGSAEFAQLLVQGGPSLPATSIPAGSTPTVQVTPQLETKSIGASV
 5 EFHCAVPSDRGTQLRWFKEGGQLPPGHSVQDGVLRIQNLQSCQGTICQAHGPWGKAQASAQ
 LVIQALPSVLINIRTSVQTVVVVGHAVEFECLALGDPKPQVTWSKVGGHLPBGIVQSGGVVRIAHV
 ELADAGQYRCTATNAAGTTQSHVLLLQALPQISMPQEVVRPAGSAAVFPCIASGYTPDISWS
 KLDGSLPPDSRLNNMLMLPSVQPDAGTYVCTATNRQGVKAFAPHLQVPERVVPYFTQTPYS
 10 FLPLPTIKDAYRKFEIKITFRPDSADGMMLYNGQKRVPGSPTNLNRQPDFISFGLVGGRPPEFRFD
 AGSGMATIRHPTPLALGHFHTVTLLRSLTQGLVIGDLAPVNGTSQKGFQGLDLNEELYLGGYPD
 YGAIPKAGLSSGFIGCVRELRIQGEIVFHDNLTAHGISHCPTCRDRPCQNGGQCHDSESSSYVC
 VCPAGFTGSRCEHSQALHCHPEACGPDATCVNRPDGRGYTCRCHLGRSGLRCEEVTVTPSL
 GAGSYLALPALNTNTHHELRLDVEFKPLAPDGVLLFSGGKSGPVEDFVSLAMVGGHLEFRYELGS
 GLAVLRTAEPLALGRWHRVSAERLNKDGSLRVNGGRPVLRSSPGKSQGLNLHTLLYLGGVEPSV
 15 PLSPATNMSAHFRGCVGEVSVNGKRLDLTYSFLGSQIGQCYDSSPCERQPCQHGATCMPAGEY
 EFQCLCRDGIKGDLCHEENPCQLREPCLHGGTCQGTRECLCLPGFSGPRCQCGSGHGAESDWH
 LEGSGGNDAPGQYGAYFHDDGFLAFPGHVFSRSLPEVPETIELEVRTSTASGLLLWQGVGEVGEA
 GQKDFISLGLQDGHVFRYQLGSGEARLVSEDPINDGEWHRVTALREGRRGSIQVDGEELVSG
 RSPGPNVAVNAKGSYIGGAPDVATLTGGRFSSGITGCVKNLVLHSARPGAPPPQPLDLQHRAQA
 20 GANTRPCPS

SEQ ID N°2

DAPGQYGAYF HDDGFLAFPG HVFSRSLPEV PETIELEVRT STASGLLLWQ GVEVGEAGQG 60
 KDFISLGLQD GHLVFRYQLG SGEARLVSED PINDGEWHRV TALREGRRGS IQVDGEELVS 120
 25 GRSPGPNVAV NAKGSYIGG APDVATLTGG RFSSGITGCV KNLVLHSARP GAPPPQPLDL 180
 QHRAQAGANT RPCPS

SEQ ID N° 3 >gi|5031773|ref|NP_005520.1|pHSPG2| heparan sulfate proteoglycan 2 (perlecan); HSPG - un fragment -de la séquence du Perlecan SEQ IN N° 3

30 RTCRCKNNVVGRLCNECADRSFHLSTRNPDGCLKCFMGSVRHCTSSSSWSRAQLHGASEEPGHF
 SLTNAASTHTTNEGIFSPTPGELGFSSFHRLLSGPYFWSLPSRFLGDKVTSYGGELRFTVTQRSQP
 GSTPLHGQPLVVLQGNNIILEHHVAQEPSGQGPSTFIVPFREQAWQRPDGGPATREHLLMALAGI
 DTLLIRASYAQQPAESRLSGISMDVAVPEETGQDPALVEQCSCPPGYLGPSCQDCDTGYTRTPS
 GLYLGTCERCSCGHSEACEPETGACQGCQHHTEGPRCEQCQPGYYGDAQRGTPQDCQLCPCY
 35 GDPAAGQAALTCFLDTDGHPTCDACSPGHSGRHCERCAPGYGNNPSQGGQPCQRDSQVPGPIGC
 NCDPQGSVSSQCAAGQCQCKAQVEGLTCSHCRPHHFHLSASNPDGCLPCFCMGITQQCASSAY
 TRHLISTHFAPGDFQGFALVNPQRNSRLTGEFTVEPVPEGAQLSFGNFAQLGHESFYW

SEQ ID N°4

40 MKWVWALLLL AAWAAAERDC RVSSFRVKEN FDKARFSGTW YAMAKKDPEG LFLQDNIVAE 60
 FSVDETGQMS ATAKGRVRLN NNWDVCADMV GTFTDTEDEPA KFKMKYWGVA SFLQKGNDHWI 120
 WIVDTDYDTY AVQYSCRLN LDGTCADSYS FVFSRDPNGL PPEAQKIVRQ RQEELCLARQ 180
 YRLIVHNGYC DGRSERNLL

45 SEQ ID N° 5 >gi|132404|sp|P02753|RETB_HUMAN PLASMA RETINOL-BINDING PROTEIN
 PRECURSOR (PRBP)
 (RBP)

MKWVWALLLLAAWAAAERDCRVSSFRVKENFDKARFSGTWYAMAKKDPEGLFLQDNIVAEFS
 VDETGMMSATAKGRVRLN NNWDVCADMVGTFTDTEDEPAKFKMKYWGVASFLQKGNDHWI
 50 VDTDYDTYAVQYSCRLNLDGTCADSYSFVFSRDPNGLPPEAQKIVRQ RQEELCLARQYRLIVH
 NGYCDGRSERNLL

SEQ ID N° 6>gi|72085|pir|VAHU plasma retinol-binding protein precursor - human

55 MKWVWALLLLAAWAAAERDCRVSSFRVKENFDKARFSGTWYAMAKKDPEGLFLQDNIVAEFS
 VDETGMMSATAKGRVRLN NNWDVCADMVGTFTDTEDEPAKFKMKYWGVASFLQKGNDHWI

VDTDYDTYAVQYSCRLLNLDGTCADSYSFVFSRDPNGLPPEAQKIVRQRQEELCLARQYRLIVH
NGYCDGRSERNLL

5 SEQ ID N° 7>gi|225862|prf||1401251A retinol binding protein [Homo sapiens]
ERDCRVSSFRVKENFDKARFSGTWYAMAKKDPEGLFLQDNIVAEFSVDETQMSATAKGRVRL
LNNWDVCADMVGTFTDTPAKFKMKYWGVASFLQKGNDDHWIVDTDYDTYAVQYSCRLL
NLDGTCADSYSFVFSRDPNGLPPEAQKIVRQRQEELCLARQYRLIVHNGYCDGRSERNL

10 SEQ ID N°8
MQSLMQAPLL IALGLLLATP AQAHLLKKPSQ LSSFSWDNCD EGKDPVIRS LTLEPDPIVV
PGNVTLSSVG STSVPLSSPL KVDLVLEKEV AGLWIKIPCT DYIGSCTFEH FCDVLDMLIP
TGEPCEPLR TYGLPCHCPF KEGTYSLPKS EFVVPDELEP SWLTTGNYRI ESVLSSSGKR
LGCIAASL KGI

15 SEQ ID N°9
MQSLMQAPLL IALGLLLATP AQAHLLKKPSQ LSSFSWDNCF EGKDPVIRS LTLEPDPIVV
PGNVTLSSVG STSVPLSSPL KVDLVLEKEV AGLWIKIPCT DYIGSCTFEH FCDVLDMLIP
TGEPCEPLR TYGLPCHCPF KEGTYSLPKS EFAVPDELEP SWLTTGNYRI ESVLSSSGKR
LGCIAASI KGI

20 SEQ ID N° 10 >gi|226416|prf||1511095A Gm2 activator protein [Homo sapiens]
LLATPAQAHLLKPSQLSSFSWDNCDEGKDPAVIRSLTLEPDPIVPGNVTLSSVVGSTSVPLSSPLK
VDLV
LEKEVAGLWIKIPCTDYIGSCTFEHFCDVLDMLIPTGEPCEPLRTYGLPCHCPFKEGTYSLPKSEF
25 VVP
DLELP SWLTTGNYRIESVLSSSGKRLGCIAASLKGI

30 SEQ ID N° 11 >gi|31857|emb|CAA43408.1| GM2-activator protein
RAGPPFPMQSLMQAPLLIALGLLLAAPAQAHLLKPSQLSSFSWDNCDEGKDPAVIRSLTLEPDPII
VPGN
VTLSSVMGSTSVPLSSPLKVDLVLEKEVAGLWIKIPCTDYIGSCTFEHFCDVLDMLIPTGEPCEPL
RTYG
LPCHCPFKEGTYSLPKSEFVVPDELP SWLTTGNYRIESVLSSSGKRLGCIAASLKGI

35 SEQ ID N° 12 >gi|673416|emb|CAA43994.1| GM2 activator protein
MQAPLLIALGLLLATPAQAHLLKPSQLSSFSWDNCDEGKDPAVIRSLTLEPDPIVPGNVTLSSV
GSTSV
PLSSPLKVDLVLEKEVAGLWIKIPCTDYIGSCTFEHFCDVLDMLIPTGEPCEPLRTYGLPCHCPF
EGT
40 YSLPKSEFVVPDELP SWLTTGNYRIESVLSSSGKRLGCIAASLKGI

45 SEQ ID N° 13 >gi|2135302|pir||154178 GM2-activator protein - human
MQSLMQAPLLIALGLLLATPAQAHLLKPSQLSSFSWDNCDEGKDPAVIRSLTLEPDPIVPGNV
LSVG
STSVPLSSPLKVDLVLEKEVAGLWIKIPCTDYIGSCTFEHFCDVLDMLIPTGEPCEPLRTYGLPCH
CPF
KEGTYSLPKSEFVVPDELP SWLTTGNYRIESVLSSSGKRLGCIAASLKGI

50 SEQ ID N° 14>gi|4587479|gb|AAD25741.1|AF124719_1 GM2 activator protein
MQSLMQAPLLIALGLLLATPAQAHLLKPSQLSSFSWDNCDEGKDPAVIRSLTLEPDPIVPGNV
LSVG
STSVPLSSPLKVDLVLEKEVAGLWIKIPCTDYIGSCTFEHFCDVLDMLIPTGEPCEPLRTYGLPCH
CPF
KEGTYSLPKSEFVVPDELP SWLTTGNYRIESVLSSSGKRLGCIAASLKGI
55

- SEQ ID N° 15 >gi|4504029|ref|NP_000396.1|pGM2A| GM2 ganglioside activator protein
 MQSLMQAPLLIALGLLLATPAQAHLKKPSQLSSFSWDNCDEGKDPVIRSLTLEPDPIVVPGNVT
 LSVVG
 STSVPLSSPLKVDLVLEKEVAGLWIKIPCTDYIGSCTFEHFCDVLDMLIPTGEPCEPLRTYGLPCH
 5 CPF
 KEGTYSLPKSEFVVPDLELPSWLTTGNYRIESVLSSSGKRLGCIKIAASLKGI
- SEQ ID N° 16 >gi|266988|sp|P17900|SAP3_HUMAN GANGLIOSIDE GM2 ACTIVATOR
 PRECURSOR
 10 (CEREBROSIDE SULFATE ACTIVATOR PROTEIN) (SHINGOLIPID ACTIVATOR PROTEIN 3)
 (SAP-3)
 MQSLMQAPLLIALGLLLATPAQAHLKKPSQLSSFSWDNCDEGKDPVIRSLTLEPDPIVVPGNVT
 LSVVGSTSVPLSSPLKVDLVLEKEVAGLWIKIPCTDYIGSCTFEHFCDVLDMLIPTGEPCEPLRTY
 GLPCHCPF
 15 KEGTYSLPKSEFVVPDLELPSWLTTGNYRIESVLSSSGKRLGCIKIAASLKGI
- SEQ ID N° 17 >gi|225793|prf|I313351B Ca binding protein MRP14 [Homo sapiens]
 MTCKMSQLERNIETIINTFHQYSVKLGHPDTLNQGEFKELVRKDLQNFLKKENKNEK VIEHIMED
 LDTNADKQLSFEEFIMLMARLTWASHEKMHEGDEGPGHHHKPGLGEGTP
 20
- SEQ ID N° 18 >gi|115442|sp|P05109|S108_HUMAN CALGRANULIN A (MIGRATION INHIBITORY
 FACTOR-RELATED PROTEIN 8) (MRP-8) (CYSTIC FIBROSIS ANTIGEN) (CFAG) (P8)
 (LEUKOCYTE L1 COMPLEX LIGHT CHAIN) (S100 CALCIUM-BINDING PROTEIN A8)
 MLTELEKALNSIIDVYHKYSLIKGNFHAVYRDDLLKLLLETECPQYIRKKGADVWFKELDINTDG
 25 AVNFQEFILVIKMGVAAHKKSHKE
- SEQ ID N° 19 >gi|2507565|sp|P80511|S112_HUMAN CALGRANULIN C (CAGC) (P6) (CGRP)
 (NEUTROPHILS100 PROTEIN) (CALCIUM-BINDING PROTEIN IN AMNIOTIC FLUID 1)
 (CAAF1)
 30 MTKLEEHLLEGIVNIFHQYSVRKGHFDTLKSGELKQLLTKEANTIKNIKDKAVIDEIFQGLDANQ
 DEQVDFQEFISLVAIALKAAHYHTHKE
- SEQ ID N° 20 >gi|115444|sp|P06702|S109_HUMAN CALGRANULIN B (MIGRATION INHIBITORY
 FACTOR-RELATED PROTEIN 14) (MRP-14) (P14) (LEUKOCYTE L1 COMPLEX HEAVY
 35 CHAIN)
 (S100 CALCIUM-BINDING PROTEIN A9)
 MTCKMSQLERNIETIINTFHQYSVKLGHPDTLNQGEFKELVRKDLQNFLKKENKNEK VIEHIMED
 LDTNADKQLSFEEFIMLMARLTWASHEKMHEGDEGPGHHHKPGLGEGTP
- SEQ ID N° 21 >gi|2146972|pir|JC4891 S100 A12 protein - human
 TKLEEHLLEGIVNIFHQYSVRKGHFDTLKSGELKQLLTKEANTIKNIKDKAVIDEIFQGLDANQDE
 40 QVDFQEFISLVAIALKAAHYHTHKE
- SEQ ID N° 22 >gi|625310|pir|BCHUCF calcium-binding protein MRP-8 - human
 MLTELEKALNSIIDVYHKYSLIKGNFHAVYRDDLLKLLLETECPQYIRKKGADVWFKELDINTDG
 45 AVNFQEFILVIKMGVAAHKKSHKE
- SEQ ID N° 23 >gi|2119369|pir|JC4712 amniotic fluid-1 calcium-binding protein homologue -
 human
 50 MTKLEEHLLEGIVNIFHQYSVRKGHFDTLKSGELKQLLTKEANTIKNIKDKAVIDEIFQGLDANQ
 DEQVDFQEFISLVAIALKAAHYHTHKE
- SEQ ID N° 24
 DNGDVCQDCI QMVTDIQTAV RTNSTFVQAL VEHVKEECDR LGPGMADICK NYISQYSEIA 60
 55 IQMMMHMQDQ QPKEICALVG FCDEV 85

- SEQ ID N° 25 >gi|4506905|ref|NP_000533.1|pSFTP| surfactant, pulmonary-associated protein B
 MAESHLQWLLLLPTLCGPGTAAWTTSSLACAQGPEFWCQSLEQALQCRALGHCLQE VWGH
 VGADDLCQECEDIVHILNKMAKEAIFQDTMRKFLEQECNVLPKLLMPQCNQVLDDYFPLVIDY
 5 FQNQIDSNIGICMHLGLCKSRQPEPEQEPGMSDPLPKPLRDPLPDPLLDKLVLPVLPALQARPGP
 HTQDLSEQQFPIPLPYCWLRCALIKRIQAMIPKGALRVAVAQVCRVVPLVAGGICQCLAERYSVI
 LLDLTLLGRMLPQLVCRLVLRCSMDDSAGPRSPTGEWLPRDSECHLCMSVTTQAGNSSEQAIPQA
 MLQACVGSWLDREKCKQFVEQHTPQLLTLVPRGWDAAHTTCQALGVC GTMSSPLQCIHSPDL
- 10 SEQ ID N° 26 >gi|131418|sp|P07988|PSPB_HUMAN PULMONARY SURFACTANT-ASSOCIATED
 PROTEIN B
 PRECURSOR (SP-B) (6 KD PROTEIN) (PULMONARY SURFACTANT-ASSOCIATED
 PROTEOLIPID SPL(PHE)) (18 KD PULMONARY-SURFACTANT PROTEIN)
 MAESHLQWLLLLPTLCGPGTAAWTTSSLACAQGPEFWCQSLEQALQCRALGHCLQE VWGH
 15 VGADDLCQECEDIVHILNKMAKEAIFQDTMRKFLEQECNVLPKLLMPQCNQVLDDYFPLVIDY
 FQNQIDSNIGICMHLGLCKSRQPEPEQEPGMSDPLPKPLRDPLPDPLLDKLVLPVLPALQARPGPH
 TQDLSEQQFPIPLPYCWLRCALIKRIQAMIPKGALVA VAQVCRVVPLVAGGICQCLAERYSVIL
 LDTLLGRMLPQLVCRLVLRCSMDDSAGPRSPTGEWLPRDSECHLCMSVTTQAGNSSEQAIPQAM
 LQACVGSWLDREKCKQFVEQHIFQLLTLVPRGWDAAHTTCQALGVC GTMSSPLQCIHSPDL
- 20 SEQ ID N° 27 >gi|71980|pir|LNHUB pulmonary surfactant protein B precursor - human
 MAESHLQWLLLLPTLCGPGTAAWTTSSLACAQGPEFWCQSLEQALQCRALGHCLQE VWGH
 VGADDLCQECEDIVHILNKMAKEAIFQDTMRKFLEQECNVLPKLLMPQCNQVLDDYFPLVIDY
 FQNQIDSNIGICMHLGLCKSRQPEPEQEPGMSDPLPKPLRDPLPDPLLDKLVLPVLPALQARPGPH
 25 TQDLSEQQFPIPLPYCWLRCALIKRIQAMIPKGALRVAVAQVCRVVPLVAGGICQCLAERYSVILL
 DTLGRMLPQLVCRLVLRCSMDDSAGPRSPTGEWLPRDSECHLCMSVTTQAGNSSEQAIPQAML
 QACVGSWLDREKCKQFVEQHTPQLLTLVPRGWDAAHTTCQALGVC GTMSSPLQCIHSPDL
- 30 SEQ ID N° 28 >gi|1360694|pir|SAHUP saposin precursor - human
 MYALFLLASLLGAALAGPVLGLKECTRGSAVWCQNVKTASDCGAVKHCLQTVWNKPTVKSLP
 CDICKDVVTAAGDMLKDNA TEEELVYLEKTCDWLPKPNMSASCKEIVDSYLPVILDIK GEMSR
 PGEVCSALNLCESLQKHLAELNHQKQLESNKIPELDMTEVVAPFMANIPLLLYPQDGPRSKPQPK
 DNGDVCQDCIQMVTDIQTAVRTNSTFVQALVEHVKEECDRLGPGMADICKNYISQYSEIAIQMM
 MHMQDQKPKEICALVGFCDEVKEMPMQTLVPAKVASKNVIPALELVEPIKKHEVPAKSDVYCE
 35 VCEFLVKEVTKLIDNNKTEKEILDAFDKMCSKLPKSLSEECQEVVD TYGSSILSILLEEVSPELVC
 SMLHLCSGTRLPALTVHVTQPKDGGFCFVCKKLVGYLDRNLEKNSTKQEILAALEKGCSFLPDP
 YQKQCDQFVAEYEPVLEILVEVMDPSFVCLKIGACPSAHKPLLGT EKIWGPSYWCQNTETAA
 QCNAVEHCKRHVWN
- 40 SEQ ID N° 29 >gi|134218|sp|P07602|SAP_HUMAN PROACTIVATOR POLYPEPTIDE
 PRECURSOR [CONTAINS:
 SAPOSIN A (PROTEIN A); SAPOSIN B (SPHINGOLIPID ACTIVATOR PROTEIN 1) (SAP-1)
 (DISPERSIN) (SULFATIDE/GM1 ACTIVATOR); SAPOSIN C (CO-BETA-GLUCOSIDASE) (A1
 ACTIVATOR) (GLUCOSYL CERAMIDASE ACTIVATOR) (SPHINGOLIPID)
 45 MYALFLLASLLGAALAGPVLGLKECTRGSAVWCQNVKTASDCGAVKHCLQTVWNKPTVKSLP
 CDICKDVVTAAGDMLKDNA TEEELVYLEKTCDWLPKPNMSASCKEIVDSYLPVILDIK GEMSR
 PGEVCSALLCESLQKHLAELNHQKQLESNKIPELDMTEVVAPFMANIPLLLYPQDGPRSKPQPKD
 NGDVCQDCIQMVTDIQTAVRTNSTFVQALVEHVKEECDRLGPGMADICKNYISQYSEIAIQMM
 MHMQPKEICALVGFCDEVKEMPMQTLVPAKVASKNVIPALELVEPIKKHEVPAKSDVYCEVCE
 50 FLVKEVTKLIDNNKTEKEILDAFDKMCSKLPKSLSEECQEVVD TYGSSILSILLEEVSPELVCSML
 HLCSGTRLPALTVHVTQPKDGGFCFVCKKLVGYLDRNLEKNSTKQEILAALEKGCSFLPDPYQK
 QCDQFVAEYEPVLEILVEVMDPSFVCLKIGACPSAHKPLLGT EKIWGPSYWCQNTETAAQCN
 AVEHCKRHVWN

SEQ ID N° 30>gi|186542|gb|J03912.1|HUMIRBPM Human interstitial retinol binding protein (IRBP) mRNA, complete cds

5 ATGAGAGAATGGGTTCTGCTCATGTCCGTGCTGCTCTGTGGCCTGGCTGGCCCCACACACCT
 GTTCCAGCCAAGCCTGGTGTGCTGGACATGGCCAAGGTCCTCTTGGATAACTACTGCTTCCCG
 GAGAACCTGCTGGGCATGCAGGAAGCCATCCAGCAGGCCATCAAGAGCCATGAGATTCTG
 AGCATCTCAGACCCGCAGACGCTGGCCAGTGTGCTGACAGCCGGGGTGCAGAGCTCCCTGA
 ACGATCCTCGCCTGGTCATCTCCTATGAGCCCAGCACCCCGAGCCTCCCCACAAGTCCCA
 GCACTCACCAGCCTCTCAGAAGAGGAACTGCTTGCCTGGCTGCAAAGGGGGCCTCCGCCATG
 AGGTTCTGGAGGGTAATGTGGGCTACCTGCGGGTGGACAGCGTCCCGGGGCCAGGAGGTGCT
 10 GAGCATGATGGGGGAGTTCTTGGTGGCCACGTGTGGGGGAATCTCATGGGCACCTCCGCC
 TTAGTGCTGGATCTCCGGCACTGCACAGGAGGCCAGGTCTCTGGCATTCCCTACATCATCTC
 CTACCTGCACCCAGGGAACACCATCCTGCACGTGGACACTATCTACAACCGCCCCCTCCAAC
 ACCACCAGGAGATCTGGACCTTGCCCCAGGTCTGGGAGAAAGGTACGGTGCCGACAAG
 GATGTGGTGGTCTCACCAGCAGCCAGCCAGGGCGTGGCCGAGGACATCGCGCACATCC
 15 TTAAGCAGATGCGCAGGGCCATCGTGGTGGGCGAGCGGACTGGGGGAGGGGCCCTGGACC
 TCCGGAAGCTGAGGATAGGCGAGTCTGACTTCTTCTTACGGTGCCCGTGTCCAGGTCCCTG
 GGGCCCCCTTGGTGGAGGCAGCCAGACGTGGGAGGGCAGCGGGGTGCTGCCCTGTGTGGGG
 ACTCCGGCCGAGCAGGGCCCTGGAGAAAGCCCTGGCCATCCTCACTCTGCGCAGCGCCCTTC
 CAGGGGTAGTCCACTGCCTCCAGGAGGTCTGAAGGACTACTACAGCTGGTGGACCGTGT
 20 GCCACCCCTGCTGCAGCACTTGGCCAGCATGGACTTCTCCACGGTGGTCTCCGAGGAAGAT
 CTGGTCACCAAGCTCAATGCCGGCCTGCAGGCTGCGTCTGAGGATCCAGGCTCCTGGTGC
 GAGCCATCGGGCCACAGAACTCCTTCTTGGCCCCGCGCCGACGCTGCAGCCGAAGACTC
 ACCAGGGGTGGCCCCAGAGTTGCCTGAGGACGAGGCTATCCGGCAAGCACTGGTGGACTCT
 GTGTTCCAGGTGTGCGTGTGCTGCCAGGCAATGTGGGCTACCTGCGCTTCGATAGTTTTGCTGA
 25 CGCCTCCGTCTTGGGTGTGTTGGCCCCATATGTCTGCGCCAGGTGTGGGAGCCGCTACAG
 GACACGGAGCACCTCATCATGGACCTGCGCCACAACCCTGGAGGGCCATCCTCTGCTGTGC
 CCTGCTCCTGCTCTACTTCCAGGGCCCTGAGGCGGGCCCCGTGCACCTCTTACCACCTAT
 GATCGCCGCACCAACATCACGCAGGAGCACTTCAGCCACATGGAGCTCCCGGGCCCCACGCT
 ACAGCACCCAACGTGGGGTGTATCTGCTCACCAGCCACCGCACCGCCACGGCCGCGGAGGA
 30 GTTCGCCTTCTTATGCAGTCGCTGGGCTGGGCCACACTGGTAGGTGAGATACCCGCGGGC
 AACCTGCTGCACACCCGCACGGTGCCGCTGCTGGACACACCCGAAGGCAGCCTCGCGCTCA
 CCGTGCCGGTCTCATCTTCATCGACAATCACGGCGAGGCCTGGCTGGGTGGTGGAGTGGT
 GCCCGATGCCATCGTGCTGGCCGAGGAGGCCCTGGACAAAGCCAGGAAGTGTGGAGTTC
 CACCAAAGCCTGGGGGCCCTTGGTGGAGGGCACAGGGCACCTGCTGGAGGCCCACTATGCTC
 35 GGCCAGAGGTGCTGGGGCAGACCAAGTGCCTCCTGCGGGCCAAGCTGGCCAGGGCGCCTA
 CCGCACAGCTGTGGACTTGGAGTCTCTGGCCTCTCAGCTCACAGCAGACCTCCAGGAGGTG
 TCTGGGGACCACCGCTTGCTAGTGTTCCACAGCCCTGGCGAGCTGGTGGTAGAGGAAGCAC
 CCCCACCACCCCTGCTGTCCCTCTCCAGAGGAGCTCACCTACCTTATTGAGGCCCTGTTC
 AAGACAGAGGTGCTGCCCCGCCAGCTGGGCTACCTGCGTTTTGACGCCATGGCTGAACTGG
 40 AGACAGTGAAGGCCGTGGGGCCACAGCTGGTGCGGCTGGTATGGCAACAG
 CTGGTGGACAGGCTGCGCTGGTGATCGACCTGCGCTACAACCCTGGCAGCTACTCCACGG
 CCATCCCGCTGCTCTGCTCCTACTTCTTTGAGGCAGAGCCCCGCCAGCACCTGTATTCTGTC
 TTTGACAGGGCCACCTCAAAAGTCAAGGAGGTGTGGACCTTGCCCCAGGTGCGCGGCCAGC
 GCTACGGCTCACACAAGGACCTCTACATCCTGATGAGCCACACCAAGTGGCTCTGCGGCCGA
 45 GGCCTTTGACACACACCATGCAGGACCTGCAGCGGGCCACGGTCATTGGGGAGCCCCACGGCC
 GGAGGCGCACTCTCTGTGGGCATCTACCAGGTGGGCAGCAGCCCTTATATGCATCCATGC
 CCACCCAGATGGCCATGAGTGCCACCACAGGCAAGGCCTGGGACCTGGCTGGTGTGGAGCC
 CGACATCACTGTGCCATGAGCGAAGCCCTTTCCATAGCCCAGGACATAGTGGCTCTGCGT
 GCCAAGGTGCCACGGTGCTGCAGACGGCCGGAAGCTGGTGGCTGATAACTATGCCTCTG
 50 CCGAGCTGGGGGCCAAGATGGCCACCAAAGTGAAGCGGTCTGCAGAGCCGCTACTCCAGGGT
 GACCTCAGAAGTGGCCCTAGCCGAGATCCTGGGGGCTGACCTGCAGATGCTCTCCGGAGAC
 CCACACCTGAAGGCAGCCATATCCCTGAGAATGCCAAGGACCGCATTCCTGGAATTGTGC
 CCATGCAGATCCCTTCCCTGAAGTATTTGAAGAGCTGATCAAGTTTTCTTCCACACTAAC
 GTGCTTGAGGACAACATTGGCTACTTGAGGTTTGACATGTTTGGGGACGGTGAGCTGCTCA

CCCAGGTCTCCAGGCTGCTGGTGGAGCACATCTGGAAGAAGATCATGCACACGGATGCCAT
 GATCATCGACATGAGGTTCAACATCGGTGGCCCCACATCCTCCATTCCCATCTTGTGCTCCT
 ACTTCTTTGATGAAGGCCCTCCAGTTCTGCTGGACAAGATCTACAGCCGGCCTGATGACTCT
 GTCAGTGAAGTCTGGACACACGCCCAGGTTGTAGGTGAACGCTATGGCTCCAAGAAGAGCA
 5 TGGTCATTCTGACCAGCAGTGTGACGGCCGGCACCGCGGAGGAGTTACCTATATCATGAA
 GAGGCTGGGCCGGGCCCTGGTCATTGG
 GGAGGTGACCAGTGGGGGCTGCCAGCCACCACAGACCTACCACGTGGATGACACCAACCTC
 TACCTCACTATCCCCACGGCCCCGTTCTGTGGGGGCTCGGATGGCAGCTCCTGGGAAGGGG
 TGGGGGTGACACCCCATGTGGTTGTCCCTGCAGAAGAGGCTCTCGCCAGGGCCAAGGAGAT
 10 GCTCCAGCACAACCAGCTGAGGGTGAAGCGGAGCCCAGGCCTGCAGGACCACCTGTAGGG
 AAGGGCCCCATAGGCAGAGCCCCAGGGCAGACAGAACCTCTGGGACACACACCAAGGGCA
 CTCCTGCAGGTGGCCCGGCCTGAGGTTCCCAGGAGCAGCAAAGGGGCCTGCTGAGCTCTGG
 TTAGGTTACAGCTGGAGGTGTGTATATATACACACACACACATGTATATACACATATATAT
 GTGTATGTATATATATGTATATATATATGGCTTTCCAATAACCACCTAAATTTTAAACAAAGG
 15 TTCCTTCTAAGTGGTAGAACTTGGGGTGGTATTTTTACCTTCCTTCTTCATACTTTGCTCTTT
 TTCTTAAATACTCATTAAATGTGCATATATCATTATTTTCAGATGCAGCTATCATTATTCCAA
 AATACAAAATAA

SEQ ID N°31> NAME = 'Reverse-Translation of GM2 FRAG' : TYPE = DNA
 20 ATGCARWSNYTNATGCARGCNCCNYTNYNATHGCNYTNGGNYTNYNATNGCNACNCCN
 GCNCARGCNCAYYTNAARAARCCNWSNCARYTNWSNWSNTTYWSNTGGGAYAA YTG YGAY
 GARGGNAARGAYCCNGCNGTNATHMGNWSNYTNACNYTNGARCCNGAYCCNATHGTNGTN
 CCNGGNAAYGTNACNYTNWSNGTNGTNGGNWSNACNWSNGTNCN NYTNWSNWSNCCNYT
 NAARGTNGAYYTNGTNYTNNGARAARGARGTNGCNGGNYTNTGGATHAARATHCCNTGYAC
 25 NGAYTAYATHGGNWSNTGYACNTTYGARCA YTTYTG YGAYGTNYTN GAYATGYTNATHCC
 NACNGGNGARCCNTGYCCNGARCCNYTNMGNACNTAYGGNYTNCCNTGYCAYTGYCCNTT
 YAARGARGGNACNTAYWSNYTNCCNAARWSNGARTTYGTNGTNCN GAYYTNGARYTNCC
 NWSNTGGYTNACNACNGGNAAYTAYMGNATHGARWSNGTNYTNWSNWSNWSNNGGNAARM
 GNYTNGGNTGYATHAARATHGCNGCNWSNYTNAARGGNATH

30 SEQ ID N° 32>gi|4587475|gb|AF124717.1|HSGM2A1 Homo sapiens GM2 activator protein (GM2A)
 gene, exon 1, complete sequence
 TTCTTTGCGTAACCAATACTGGAAGGCATTTAAAGGACCTCTGCCGCCTCAGACCTTGCAG
 TTAACCTCCGCCCTGACCCACCTTCCCGATGCAGTCCCTGATGCAGGCTCCCTCCTGATCG
 35 CCCTGGGCTTGCTTCTCGCGACCCCTGCGCAAGCCACCTGAAAAAGGTGAGTGCACCCTC
 TTTTAAGAGTCTGTTTGCAGCCTCCTGGCCAGCTACGGGTGTGCGGGTCTGGCTGAGATAT
 GGGGGTGGCCACTCCGTTCTCTAGAATTGGTTCTCTGCACTAGAGCCTTCCAAAGTAACATA
 TTATGGGATTCTGGTCTGTACAATGAGGGTGGCCTCTAAAGACTTGTTCTGCTCCAGGCCCT
 TTTTGGAGAGATTAATCTCACGTCTGCACTCTCCTGCCCTCCCTCCAAGCGCCGGAGTGAAA
 40 ATGCAGACAGCCTTAAACTAAGGCATTGCCCCCAAGAGATTCAAGTCTGTTAACCCTGCA
 CCTTACTCCTGACCCCCACTCCTTATGTCCCCCATGATAAGGCCTGCTGCCTCATCTCTTCCC
 CTGCTCGAATGCCCTGAGGTCTTCTGAGAGTTGGGAGGGTTTGAGAGCTTTCCAAGGCCA
 AGAGGATTCACTAAG

45 SEQ ID N° 33 >gi|4587476|gb|AF124718.1|HSGM2A2 Homo sapiens GM2 activator protein (GM2A)
 gene, exon 2, complete sequence
 CAGGAGCTTGCCCTCTTGCTGGGATTCCAACGCTGGCTGGAGAGGAGTGGGCAGCAGGGAG
 GTGGGAAGTCAGAGAAGGTGCCACCAAAGGCCTATTAGGTCAGTCTCCTGTTTGGAAAGTT
 CCAGGTCTATCATATCCTGCCTTATAGTTTACAATACACTTTTGGGAGATTATGTCTTTTGA
 50 GTCTTTTAGTTTAGTCCTGCCTATAAAATGAGTAGGATAAGTGTTATCCCAGGTTTCATAGGT
 ATGGAGTCTCATAGATGAGGCTCAGGGACGGGGTGCCTCACCCAAGGTCACACTGCCAGG
 AGCTCATTTTTCTGTGATCTGTGATAGTTTCTTTTGTCAACCTTTTTCTTCTTCTCCTTCTT
 GCTGCCTGATTGTCCCCAGCCATCCCAGCTCAGTAGCTTTTCTGGGATAACTGTGATGAAG
 GGAAGGACCCTGCGGTGATCAGAAGCCTGACTCTGGAGCCTGACCCCATCGTCGTTCTG

AAATGTGACCCTCAGTGTCTGTTGGGACGACACCAGTGTCCCCCTGAGTTCTCCTCTGAAGGTG
 AGCCTGGGGGTGGGTGGAGAAGGGGAGGTGCGAGGGTCTGGCCAGCAGGGGTACTGGGGC
 ATGTATGCTTGGGGAACCTGTGAAGAATTTTCAAGATCCTGGATTCCCAGAGAATAGTACAGG
 ACATGTAGATTTCAGACACTCTTTCACAGGTTTCATGGAATCTCAGGATCATAAGATTGAAAG
 5 GAATCTCTGATGTCAGCGCCAGCAACTTCCTGGTGAAGGGCAGGAGTGACGGATACCTTGCA
 CCTGGCAGAAGCGTCCTGGCCTTCTCTGGGCTGGTGGCCAACTGCTCATTATTATCTGACA
 GCTCTGGTTGGCCAAATTTGGTTTTGCTGTTAATTATAAAATTGATATACCAATTAGCCAGTA
 ATATATAGTCACTTTAGAAAACACAAGTGGTCAAAAAATAAATAAAATAGGCCAAGTGTGG
 10 TAACCTCATGCCTGTAATTCCCACACCCTTAGGAGGCTGAAGGTGGGTGGGATCCTTTTTTGA
 GG

SEQ ID N° 34>gi|4587477|gb|AF124719.1|HSGM2A3 Homo sapiens GM2 activator protein (GM2A)
 gene, exons 3 and 4, complete sequence; and complete cds
 ACAGTAGATGCCAGTGCATTTCAATGCAAGTGTTAGAGCCAATCAATGGGTAGTGACTACC
 15 TAAAGAATTTTAAGACTATGGATTGAGCATGATGGCTCACGGCCTGTAATCCAGCCTTTG
 GAAGGTGAAGGTGAAAGGATTGCTTGAGGCCAGGAGTTCAGACCAGCTTGGGCAACAAA
 GTGAGCCCCATCTCTACAAAAAATACAAAATTAGCTGGGTGTGGTGGCATGTGCCTGTCTG
 TGTTCACCTACATGGGAGGCTGAGGCAGGAGGATCGTCTGAGCCCAGGAGTTTGAGGC
 TGCAGTGAGTGAGTGCAGTGAGCCATGATACAAAAAATAAAGAATTCTAAGTCTATGTA
 20 TAGTTCAGTGTAGGGGAAAATTCACATTTGATTATTAATGTCTGCCATGGGCACAATAAT
 ACACTATACTCACACATGGGCCACAATGTTGCCATTCTAGAACAGACTATCTCTAAGATCT
 CATCCAGTTAAAAATCTATGATTAATAATATTGCTGCTTTTTTGAAGACAGAAGAGCTGG
 TATGTTTGCCCTGGAATTTACACTTATAACCTTTTTCAAACCTTTGTTTTATTTTTTTTACC
 AGGTGGATTTAGTTTTGGAGAAGGAGGTGGCTGGCCTCTGGATCAAGATCCCATGCACAGA
 25 CTACATTGGCAGCTGTACCTTTGAACACTTCTGTGATGTGCTTGACATGTTAATTCCTACTG
 GGGAGCCCTGCCAGAGCCCCTGCGTACCTATGGGCTTCCTTGCCACTGTCCCTTCAAAGA
 AGTAAGTACTTAGGGAGGAGAGAGCGTTACCCCTGTGGCTAAAGAGATGGGGTTTGGAGA
 GAAGGGTCTTTGCATTCTCTTCTGCAGATCTGCATGTCTCTGGATTGTGAAGCCAGTGTGA
 CCTATCAGGAATCACTTATCTTCCGGGAGCCTCAGTTATCCATCTACGAAATGGGAGACTTG
 30 AACTTAGATGTGATCTTCAGGGCCCTTTATCCATATAATCCATGCTCTACAGTGCTATGGCC
 GTCTCTCATCTTGTGCGGCTGTTTTGAGAATGGGAAGAGGGGTGGTAGTTCATGGCTGCAA
 TCCTAGCAGTGGCTCTAGGAGAAAGACCCCATCAGTAGGCTCCCACTGACTGGCGGTCCAC
 TGGCTTTCCCGCAGGGAACCTACTCACTGCCCAAGAGCGAATTCGTTGTGCTGACCTGGA
 GCTGCCCAGTTGGCTCACCACCGGGAACCTACCGCATAGAGAGCGTCCTGAGCAGCAGTGGG
 35 AAGCGTCTGGGCTGCATCAAGATCGCTGCCTCTCTAAAGGGCATATAGCATGGCATCTGCC
 ACAGCAGAATGGAGCGGTGTGAGGAAGGTCCCTTTTCTCTGTTTTGTGTTTGGCAAGGCC
 AAATCCCACTCTCTGCCCCCTTTAATCCCCTTTCTACAGTGAGTCCACTACCCTCACTGA
 AAATCATTTTGTACCACTTACATTTTAGGCTGGGGCAAGCAGCCCTGACCTAAGGGAGAAT
 GAGTTGGACAGTTCTTGATAGCCAGGGCATCTGCTGGGCTGACCACGTTACTCATCCCCGT
 40 TAACATTCTCTCTAAAGAGCCTCGTTTCATTTCAAAGCAGTTAAGGAATGGGAACAGAGTG
 TTTTAGGACCTGAAGAATCTTTATGACTCTCTCTCTTTCTCTCTTTTTTTT

SEQ ID N° 35>gi|4587475|gb|AF124717.1|HSGM2A1 Homo sapiens GM2 activator protein (GM2A)
 gene, exon 1, complete sequence
 TTTCTTTGCGTAACCAATACTGGAAGGCATTTAAAGGACCTCTGCCGCCTCAGACCTTGCAG
 45 TTAACCTCCGCCCTGACCCACCTTCCCGATGCAGTCCCTGATGCAGGCTCCCCTCTGATCG
 CCCTGGGCTTGCTTCTCGCGACCCCTGCGCAAGCCACCTGAAAAAGGTGAGTGCACCCTC
 TTTTAAGAGTCTGTTTGCAGCCTCCTGGCCCAGCTACGGGTGTGCGGGTCTGGCTGAGATAT
 GGGGGTGGCCACTCCGTTCTCTAGAATTGGTTCTCTGCACTAGAGCCTTCCAAAGTAAGTAA
 50 TTATGGGATTCTGGTCTGTACAATGAGGGTGGCCTCTAAAGACTTGTCTGCTCCAGGCCCT
 TTTTGGAGAGATTAATCTCACGTCTGCACTCTCCTGCCCTCCCTCCAAGCGCCGGAGTGAAA
 ATGCAGACAGCCTTAAACTAAGGCATTGCCCCCAAGAGATTCAAGTCTGTTAACCCTGCA
 CCTTACTCCTGACCCCCACTCCTTATGTCCCCCATGATAAGGCCTGCTGCCTCATCTCTCCC

5 SEQ ID N° 36>gi|4587476|gb|AF124718.1|HSGM2A2 Homo sapiens GM2 activator protein (GM2A)
gene, exon 2, complete sequence

5 SEQ ID N° 37>gi|4587477|gb|AF124719.1|HSGM2A3 Homo sapiens GM2 activator protein (GM2A)
gene, exons 3 and 4, complete sequence; and complete cds

30
35
40
45
50

ACAGTAGATGCCAGTGCATTTCAATGCAAGTGTAGAGCCAATCAATGGGTAGTGACTACC
TAAAGAATTTTAAGACTATGGATTGAGCATGATGGCTCACGGCCTGTAATCCCAGCCTTTG
GAAGGTGAAGGTGAAAGGATTGCTTGAGGCCAGGAGTTCCAGACCAGCTTGGGCAACAAA
GTGAGCCCCATCTCTACAAAAAATACAAAATTAGCTGGGTGTGGTGGCATGTGCCTGTCTG
TGTTTTCCACCTACATGGGAGGCTGAGGCAGGAGGATCGTCTGAGCCCAGGAGTTTGAGGC
TGCAGTGAGTGCAGTGAGCCATGATACAAAAAATAAAGAATTCTAAGTCTATGTA
TAGTTCAGTGAGGGGAAAATTCATTTGATTATTAATGTCTGCCATGGGCACAATAAT
ACACTATACTACACATGAGGGCCACATGTTGCCATTCTAGAACAGACTATCTCTAAGATCT
CATCCAGTTAAAAATTCTATGATTAATAATATTGCTGCTTTTTTGAAGACAGAAGAGCTGG
TATGTTTGCCCTGGAATTTACACTTATAACCTTTTTCAAACCTTTGTTTTATTTTTTTTTACC
AGGTGGATTTAGTTTTGGAGAAGGAGGTGGCTGGCCTCTGGATCAAGATCCCATGCACAGA
CTACATTGGCAGCTGTACCTTTGAACACTTCTGTGATGTGCTTGACATGTTAATTCCACTG
GGGAGCCCTGCCCAGAGCCCCTGCGTACCTATGGGCTTCCTTGCCACTGTCCCTTCAAAGA
AGTAAGTACTTAGGGAGGAGAGAGCGTTACCCCTGTGGCTAAAGAGATGGGGTTTGAGGA
GAAGGGTCTTTGCATTCTCCTTCTGCAGATCTGCATGTCTCTGGATTTGTAAGCCAGTGTGA
CCTATCAGGAATCACTTATCTTCCGGGAGCCTCAGTTATCCATCTACGAAATGGGAGACTTG
AAGCTTAGATGTGATCTTCAGGGCCCTTATCCATATAATCCATGTCTACAGTGCTATGGCC
GCTCTCATCTTGTGCGGCTGTTTTGAGAATGGGAAGAGGGGTGGTAGTTCATGGCTGCAA
TCCTAGCAGTGGCTCTAGGAGAAAGACCCCATCAGTAGGCTCCCACTGACTGGCGGTCCAC
TGGCTTTCCCGCAGGGAACCTACTCACTGCCCAAGAGCGAATTCGTTGTGCCTGACCTGGA
GCTGCCCAGTTGGCTCACCACCGGGAACCTACCGCATAGAGAGCGTCTGAGCAGCAGTGGG
AAGCGTCTGGGCTGCATCAAGATCGCTGCCTCTCTAAAGGGCATATAGCATGGCATCTGCC
ACAGCAGAATGGAGCGGTGTGAGGAAGGTCCCTTTTCTCTGTTTTGTGTTTGCCAAGGCC
AAACTCCCCTCTCTGCCCCCTTTAATCCCCTTTCTACAGTGAGTCCACTACCCTCACTGA
AAATCATTTTGTACCCTTACATTTTAGGCTGGGGCAAGCAGCCCTGACCTAAGGGAGAAT
GAGTTGGACAGTTCTTGATAGCCAGGGCATCTGCTGGCTGACCACGTTACTCATCCCCGT
TAAGTTCTCTCTAAAGAGCCTCGTTTCATTTCCAAGCAGTTAAGGAATGGGAACAGAGTG
TTTTAGGACCTGAAGAATCTTTATGACTCTCTCTCTTTCTCTTTTTTTTT

SEQ ID N° 38>gi|4504028|ref|NM_000405.1|GM2A| Homo sapiens GM2 ganglioside activator protein (GM2A) mRNA

```

5  TTTCTTTGCGTAACCAATACTGGAAGGCATTTAAAGGACCTCTGCCGCCTCAGACCTTGACAG
   TTA ACTCCGCCCTGACCCACCCTTCCCGATGCAGTCCCTGATGCAGGCTCCCCTCCTGATCG
   CCCTGGGCTTGCTTCTCGCGACCCCTGCGCAAGCCACCTGAAAAAGCCATCCCAGCTCAG
   TAGCTTTTCTCTGGGATAACTGTGATGAAGGGAAGGACCCTGCGGTGATCAGAAGCCTGACT
   CTGGAGCCTGACCCCATCGTCGTTCTGGAAATGTGACCCTCAGTGTCTGGGAGCACCA
   GTGTCCCCCTGAGTTCTCCTCTGAAGGTGGATTTAGTTTTGGAGAAGGAGGTGGCTGGCCTC
10  TGGATCAAGATCCCATGCACAGACTACATTGGCAGCTGTACCTTTGAACACTTCTGTGATGT
   GCTTGACATGTTAATTCCTACTGGGGAGCCCTGCCAGAGCCCCTGCGTACCTATGGGCTTC
   CTTGCCACTGTCCCTTCAAAGAAGGAACTACTCACTGCCCAAGAGCGAATTCGTTGTGCCT
   GACCTGGAGCTGCCCAGTTGGCTCACCACCGGGAACCTACCGCATAGAGAGCGTCTGAGCA
   GCAGTGGGAAGCGTCTGGGCTGCATCAAGATCGCTGCCTCTCTAAAGGGCATATAGCATGG
15  CATCTGCCACAGCAGAATGGAGCGGTGTGAGGAAGGTCCCTTTTCTCTGTTTTGTGTTTGC
   CAAGGCCAACTCCCACTCTCTGCCCCCTTTAATCCCTTTCTACAGTGAGTCCACTACCC
   TCACTGAAAATCATTTTGTACCACTTACATTTTAGGCTGGGGCAAGCAGCCCTGACCTAAG
   GGAGAATGAGTTGGACAGTTCTTGATAGCCCAGGGCATCTGCTGGGCTGACCACGTTACTC
   ATCCCCGTTAACAATTCTCTCTAAAGAGCCTCGTTCATTTCCAAAGCAGTTAAGGAATGGGA
20  ACAGAGTGTTTTAGGACCTGAAGAATCTTTATGACTCTCTCTCTTTCTCTTTTTTTT

```

SEQ ID N° 39>gi|4587476|gb|AF124718.1|HSGM2A2 Homo sapiens GM2 activator protein (GM2A) gene, exon 2, complete sequence

```

25  CAGGAGCTTGCCCTCTTGCTGGGATTCCAACGCTGGCTGGAGAGGAGTGGGCAGCAGGGAG
   GTGGGAAGTCAGAGAAGGTGCCACCAAAGGCCTATTAGGTCAGTCTCCTGTTTGGAAGTT
   CCAGGTCTATCATATCCTGCCTTATAGTTTACAATACACTTTTGGGAGATTATGTCTTTGA
   GTCTTTTAGTTTAGTCCTGCCTATAAAATGAGTAGGATAAGTGTTATCCCAGGTTTCATAGGT
   ATGGAGTCTCATAGATGAGGCTCAGGGACGGGGTGCCTCACCCAAGGTCACACTGCCAGG
   AGCTCATTTTCTCTGTGATCTGTGATAGTTTCTTTTGTCAACCTTTTCTCTCTCCTTCCTT
30  GCTGCCTGATTGTCCCCAGCCATCCCAGCTCAGTAGCTTTTCTGCGGATAACTGTGATGAAG
   GGAAGGACCCTGCGGTGATCAGAAGCCTGACTCTGGAGCCTGACCCCATCGTCGTTCTCTGG
   AAATGTGACCCTCAGTGTCTGGGAGCACCAGTGTCCCCCTGAGTTCTCCTCTGAAGGTG
   AGCCTGGGGGTGGGTGGAGAAGGGGAGGTGCGAGGGTCTGGCCAGCAGGGGTACTGGGGC
   ATGTATGCTTGGGGAACCTGTGAAGAATTTTCAAGATCCTGGATTCCCAGAGAATAGTACAGG
35  ACATGTAGATTACAGACTCTTTTACAGGTTTCATGGAATCTCAGGATCATAAGATTGAAAG
   GAATCTCTGATGTCAGCGCCAGCAACTTCTGGTGAGGGCAGGAGTGACGGATACCTTGCA
   CCTGGCAGAAGCGTCTGTCCTTCTCTGGGCTGGTGCCAACTGCTCATTATTATCTGACA
   GCTCTGGTTGGCCAATTTGGTTTTGCTGTTAATTATAAAATTGATATACCAATTAGCCAGTA
   ATATATAGTCACTTTAGAAAACACAAGTGGTCAAAAAATAAATAAAATAGGCCAAGTGTGG
40  TAACCTCATGCCTGTAATTCCCACACCCTTAGGAGGCTGAAGGTGGGTGGGATCCTTTTTGA
   GG

```

SEQ ID N° 40 >gi|4587477|gb|AF124719.1|HSGM2A3 Homo sapiens GM2 activator protein (GM2A) gene, exons 3 and 4, complete sequence; and complete cds

```

45  ACAGTAGATGCCAGTGATTTCAATGCAAGTGTTAGAGCCAATCAATGGGTAGTGACTACCT
   AAAGAATTTTAAGACTATGGATTGAGCATGATGGCTCACGGCCTGTAATCCCAGCCTTTGG
   AAGGTGAAGGTGAAAGGATTGCTTGAGGCCAGGAGTTCCAGACCAGCTTGGGCAACAAAG
   TGAGCCCCATCTCTACAAAAAATACAAAATTAGCTGGGTGTGGTGGCATGTGCCTGTCTGT
   GTTTCACCTACATGGGAGGCTGAGGCAGGAGGATCGTCTGAGCCCAGGAGTTTGAGGCT
50  GCAGTGAGTGACGTGAGCCATGATACAAAAAATAAAGAATTCTAAGTCTATGTAT
   AGTTCAGTGTAGGGGGAAAATTCACATTTGATTATTAATGTCTGCCATGGGCACAATAATA
   CACTATACTCACACATGGGCCACAATGTTGCCATTCTAGAACAGACTATCTCTAAGATCTC
   ATCCAGTTAAAAATTCTATGATTAATAATATTTGCTGCTTTTTTGAAGACAGAAGAGCTGGT
   ATGTTTGCCCTGGAATTTACACTTATAACCTTTTTCAAACCTTTGTTTTATTTTTTTTACCA

```

- GGTGGATTTAGTTTTGGAGAAGGAGGTGGCTGGCCTCTGGATCAAGATCCCATGCACAGAC
TACATTGGCAGCTGTACCTTTGAACACTTCTGTGATGTGCTTGACATGTTAATTCCTACTGG
GGAGCCCTGCCAGAGCCCCTGCGTACCTATGGGCTTCCTTGCCACTGTCCCTTCAAAGAA
GTAAGTACTTAGGGAGGAGAGAGCGTTACCCCTGTGGCTAAAGAGATGGGGTTTGGAGAG
5 AAGGGTCTTTGCATTCTCCTTCTGCAGATCTGCATGTCTCTGGATTTGTAAGCCAGTGTGAC
CTATCAGGAATCACTTATCTTCCGGGAGCCTCAGTTATCCATCTACGAAATGGGAGACTTG
AACTTAGATGTGATCTTCAGGGCCCTTTATCCATATAATCCATGCTCTACAGTGTATGGCC
GTCTCTCATCTTGTGCGGCTGTTTTGAGAATGGGAAGAGGGGTGGTAGTTCATGGCTGCAA
TCCTAGCAGTGGCTCTAGGAGAAAGACCCCATCAGTAGGCTCCCACTGACTGGCGGTCCAC
10 TGGCTTTCCCGCAGGGAACCTACTCACTGCCCAAGAGCGAATTCGTTGTGCCTGACCTGGA
GCTGCCCAGTTGGCTCACCACCGGGAACCTACCGCATAGAGAGCGTCTGAGCAGCAGTGGG
AAGCGTCTGGGCTGCATCAAGATCGCTGCCTCTCTAAAGGGCATATAGCATGGCATCTGCC
ACAGCAGAATGGAGCGGTGTGAGGAAGTCCCTTTTCTCTGTTTTGTGTTTGCCAAAGGCC
AAACTCCCCTCTCTGCCCCCTTTAATCCCCTTTCTACAGTGAGTCCACTACCCTCACTGA
15 AAATCATTTTGTACCACCTACATTTTAGGCTGGGCAAGCAGCCCTGACCTAAGGGAGAAT
GAGTTGGACAGTTCTTGATAGCCAGGGCATCTGCTGGGCTGACCACGTTACTCATCCCCGT
TAACATTCTCTCTAAAGAGCCTCGTTCATTTCCAAAGCAGTTAAGGAATGGGAACAGAGTG
TTTTAGGACCTGAAGAATCTTTATGACTCTCTCTCTTTCTCTCTTTTTTTT
- 20 SEQ ID N° 41 >gi|4504028|ref|NM_000405.1|GM2A| Homo sapiens GM2 ganglioside activator
protein (GM2A) mRNA
TTTCTTTGCGTAACCAATACTGGAAGGCATTTAAAGGACCTCTGCCGCCTCAGACCTTGCAG
TTAACTCCGCCCTGACCCACCCTTCCCGATGCAGTCCCTGATGCAGGCTCCCTCCTGATCG
CCCTGGGCTTGCTTCTCGCGACCCCTGCGCAAGCCCACCTGAAAAAGCCATCCCAGCTCAG
25 TAGCTTTTCTGGGATAACTGTGATGAAGGGAAGGACCCTGCGGTGATCAGAAGCCTGACT
CTGGAGCCTGACCCCATCGTCGTTCTTGAAATGTGACCCTCAGTGTGCTGGGCAGCACC
GTGTCCCCCTGAGTTCTCCTCTGAAGTGGATTTAGTTTTGGAGAAGGAGGTGGCTGGCCTC
TGGATCAAGATCCCATGCACAGACTACATTGGCAGCTGTACCTTTGAACACTTCTGTGATGT
GCTTGACATGTTAATTCCTACTGGGGAGCCCTGCCAGAGCCCTGCGTACCTATGGGCTTC
30 CTTGCCACTGTCCCTTCAAAGAAGGAACCTACTCACTGCCCAAGAGCGAATTCGTTGTGCCT
GACCTGGAGCTGCCCAGTTGGCTCACCACCGGGAACCTACCGCATAGAGAGCGTCTGAGCA
GCAGTGGGAAGCGTCTGGGCTGCATCAAGATCGCTGCCTCTCTAAAGGGCATATAGCATGG
CATCTGCCACAGCAGAATGGAGCGGTGTGAGGAAGGTCCCTTTTCTCTGTTTTGTGTTTGC
CAAGGCCAAACTCCCACTCTCTGCCCCCTTTAATCCCCTTTCTACAGTGAGTCCACTACCC
35 TCACTGAAAATCATTTTGTACCACCTACATTTTAGGCTGGGGCAAGCAGCCCTGACCTAAG
GGAGAATGAGTTGGACAGTTCTTGATAGCCAGGGCATCTGCTGGGCTGACCACGTTACTC
ATCCCCGTAAACATTCTCTCTAAAGAGCCTCGTTCATTTCCAAAGCAGTTAAGGAATGGGA
ACAGAGTGTTTTAGGACCTGAAGAATCTTTATGACTCTCTCTCTTTCTCTTTTTTTT
- 40 SEQ ID N°42 > NAME = 'Reverse-Translation of CALB FRE' : TYPE = DNA
ATGACNTGYAARATGWSNCARYTNGARMGNAAYATHGARACNATHATHAAYACNTTYCAY
CARTAYWSNGTNAARYTNGGNCAAYCCNGAYACNYTNAAYCARGGNGARTTYAARGARYTN
GTNMGNAARGAYYTNCARAAYTTYTNAARAARGARAAYAARAAYGARAARGTNATHGAR
CAYATHATGGARGAYYTNGAYACNAAYGCNGAYAARCARYTNWSNTTYGARGARTTYATH
45 ATGYTNATGGCNMGNYTNACNTGGGCNWSNCAYGARAARATGCAYGARGGNGAYGARGG
NCCNGGNCAYCAYCAYAARCCNGGNYTNGGNGARGGNACNCCN
- SEQ ID N° 43>gi|188691|gb|M21005.1|HUMMRP8A Human migration inhibitory factor-related
protein 8 (MRP8) gene, complete cds
50 TTCCACCTTTTGGCTCTTGTAATAATGCTGCTATGAACATGAATGTACAAACATCTGTTTG
AATCCCTGCATTCAATTCTTTTGCATATATACCCAGGAGCAGAATGATGGATCATATGGTAA
TTCTGTGTTTATTTATTTGAGGAACAAACTGCCGTTTTCCATAACAGTGCCTACTATTTTAC
ATTCCCACTAACAGTGCATTAGGCTTCCAATTCTCTATGCCCTCACCACACTTGTCTTCTG
GGTTTTAAAAGAAGTAGTAGTCATCCTTGTAAGGTGTCAGGTGGTATCTCATTTGTCGTTTTGC

TTCATGTTTTCTAAAGATTAGTAATTTTCATATGCTTATTGACCATTTGTATATCTTCTTCG
 GAGAAGTGTCTATTTGAGTCTTTCCCAATTTTGATTGGTTTGTGTTTTTGTGTTGAGT
 TGTAGGGATTCTTTTATATTCTGGATATTAATCCCTTATCAGATATTTGTTTTACAAATATTT
 TCTTTGTAACAACAGAAACACACCACAGTCTTCAAGGTTGGAAGCCAGTTAATCTGAGTAG
 5 CATTITGTTAGTGGTGGGAGAGGATTTGTTCTCTCTGAAATCCTGGGGAATTGGCCACCTC
 CTCTTCTCTCTTAGGCATGAAGCGCTCTGGCTTCTCCAAAGAACTCTTCCCCTCCACTAC
 CTCAGAGTTAGCTTCTCTCTTCAGCCAGTGATCCTGGGGTCCCAGACACAATAATTAACCA
 AGAGAGGGTGAAAGGCTCCCTGCTGTGTTTATGCAATGGCTCAGGCCCTTGTGAAGTGCCG
 AGGGACCCCAAGCAGCCTCCATCTCCCAGGGCATGGTCCATCCCCAGCTTTCACAGAACAG
 10 GAAAGCTGTGGAGGAGTGTGGGCAGCAGGGTAGGAATGGATATAGCCCTTGGCAACAACA
 CATTTCCCCAACAAAGCACCCACCCAAAAGAACAACAACGATAGTTTTAGTTTTAGTAATG
 AGAACAATAGTTCTCATGACTAAAAGCCATCAGCCAGGACACTGTTCTCAACCCCTTTGCG
 GTCTTTGGACCCTTTGAAACTCTGACAGAAGCCATGGAGGAATGTTCTCACTGAGTGCATG
 CACTCAAAATGATGCATTCAACTTCAATTCAGTTTCAGGGATGTATGGCCTGACACCAAT
 15 GCAGGGGATTAGCAATCGCAATAGTGGAGAGGGCATGGGAGTGGGAATCTGGCTGGATCA
 AGCAAGTGGATGCCAGCAGCCAGAAAAGAGCCCCCTACCTGCTTTTTCTTCTGGGC
 ACTATTGCCAGCAAATGCCTTCTCTTTCCGCTTCTCCTACCTCCCCACCCAAAATTTTCAT
 TCTGCACAGTGATTGCCACATTCACTGGTTGAGAAAACAGAGACTGTAGCAACTCTGGCAGG
 GAGAAGCTGTCTCTGATGGCCTGAAGCTGTGGGCAGCTGGCCAAGCCTAACCGCTATAAAA
 20 AGGAGCTGCCTCTCAGCCCTGCATGTCTCTTGTGAGCTGTCTTTCAGAAGACCTGGTAAGTG
 GGAAGTGTCTGGGTTGGCCCCGCACTTTGGGCTTCTCTTGGGGAGGGTCAGGGAAGTGGAGC
 AGCCTTCTCTGAGAGAGGAGAGAGAAAGCTCAGGGAGGTCTGGAGCAAAGATACTCTGGA
 GGTGGGGAGTGAGGCAGGGATAAGGAAGGAGAGTATCCTCCAGCACCTTCCAGTGGGTAA
 GGGCACATTGTCTCCTAGGCTGGACTTTTCTTGAGCAGAGGGTGGGGTGGTAAGGAAAGTC
 25 TACGGGCCCCCGTGTGTGTCACATGTCTGTGTGAATGGACCCTTCCCCTTCCCACACGT
 GTATCCCTATCATCCCACCTTCCCACCAGAGGCCATAGCCATCTGCTGGTTTGGTTATTG
 AGAGTGCAGGCCAGGACAAGGCCATCGCTTGGGGCATGAATCCTCTGCGTACTGCCCTGGC
 CAGATGCAAATTCCTGCCATGGGATTCCCCAGAAGGTTCTGTTTTTCAGGTGGGGCAAGTT
 CCGTGGGCATCATGTTGACCGAGCTGGAGAAAGCCTTGAACCTCTATCATCGACGTCTACCA
 30 CAAGTACTCCCTGATAAAGGGGAATTTCCATGCCGTCTACAGGGATGACCTGAAGAAATTG
 CTAGAGACCGAGTGTCTCAGTATATCAGGGTGAGGAGGGGCTGGGTGTGGCGGGGGCTCT
 CTGCCTGGTCTCTGGGGCTGCCCTGGGCCAGCGGTCTCCCTGCCACCCTTCATAGATGCTAT
 GCCTCGGCTCTCTCTGAGATCTTTAAACTCTGGCTTCTTCTCTCAATCTTGACAGAAAAA
 GGGTGCAGACGTCTGGTTCAAAGAGTTGGATATCAACACTGATGGTGCAGTTAACTTCCAG
 35 GAGTTCCTCATTCTGGTGATAAAGATGGGCGTGGCAGCCCAAAAAAAGCCATGAAGAA
 AGCCACAAAGAGTAGCTGAGTTACTGGGCCAGAGGCTGGGCCCCCTGGACATGTACCTGCA
 GAATAATAAAGTCATCAATACCTCATGCCTCTCTCTTATGCTTTTGTGGAATGAGGTTCTCT
 GGTGTGGAGGGAGGGTTGGAAAACCCAAAGGAAGAAAAAGAAATCTATGTTATCCCACCC
 TACCTCTACAAGCCTTTCTGCTTTACCCCTCACCTGGCCTCTGCCCCACATTCTTCAGCC
 40 CCTCATTTTCGAGCATTGGATTTGAGGCTTAAGGATTCAAAAAGTCGTATGAATATAGCTG
 ATGATTTTATAGTGGTTCTGAAATGGGTCGGGGATTGGGAACAGGGTGGTAGTATAAGAA
 CAACTGATACTGTTCTTAAGCTAAATCTTAGCTTCCAGCTACCTGTCTTAGATGTGGCTCT
 TGGGAACCTTAGAGTGATAGCTACATAGAAGTGTGTGGGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTG
 TGTGTGTGTGAGAGAGAGACAGACAGAAAGAGAGCAAGAGAGGGAAGGGGGGAGAGGCT
 45 GATTGTGTGTGTGGTGTGATGTAGGTGGACAATGTTTCAAGTCTCCATTAACAGGATAAT
 CCTCACACCTGTCCACATACCTGTAGTTTGTCTTGGGGATTTTGAATAATTTTCTCCCTCT
 CCACTCCCAAACTCCCAACTCAATTAATGATAAAGGAATAGGCAAATAGGAAAATAAATT
 AGTAAACTTAAGTCAAAGAATAGGTTATTCATACGCTGCCATGGGATTCTATGCTTTGTG
 ATCAGAAAATTATCTAAAAAATACTTCCCAAGGGCTGGTACAAGGGAGGCCAGAAGACGA
 50 GTGGTTCTTCTCTGAGGTGGACATTAAAAAAAGAAGAAAATGAAGGGGAACCTTTTGACAA
 GAATGTCACCCCAAACTGGATTTTCATGCTGTGGTGTGGGGAATTTTCTGTTGTCTCACTT
 AGGTGCTGGGGCAGTGGTGTAGTGATGGGTAAAAAGGTAGGAAGCTGTACAGATCACT
 AAACCAGGGTTCTTAACCTGTCTGTCTATACATCTCTGAAATTGGGTTGAAGTTGTGTGCAT
 CATTTTGAGTGACGCACTGAGAACATTCCTCCACGGCTTCCATCGAGAGTCTCGAAAAGGC

CCAACACCTCAAAAAGGTTAAGAACACTTGTCTGCTTACTGGTTTTTAGTAACAAATGGC
 AGAGTATTTCTCTCTGTCTCTCTCTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGAGACACAGGGTCTTGTCT
 GTCACGTGGACTAGAGTACAATGGGCATGATCATGGGCTCACTGTAGCCTCGAACACCTGG
 GCTCAAGTAATCCTCCCACCTCAGCCTCTTAGTAGCTGGGACTACAGCATGAGCCACTGCC
 5 CTTGGCTAATTTTTAAATTATTTTTTTGTAGAGATGGAAACTTGCTATGTTGCCAGGCTAG
 TCTCAAACCTCCTGGACTCAAGCGATCCTCCTACCTTGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAG
 TGTGATCCACACCACACCTGGCCAAAGATTGGAGTATTTTTATTGCTATTGTTGTGCTGGGT
 GGGTGGGTGGGTGTATGCTTTGTGGGGACGTGTGTTGTTGCCAAGGGCTAAATCAGTTCCCT
 ACCCTGCTGCCCACAGTCCTCCACAGCTTTCCTGCTCTGTGAAGCTAAGGATACACCCCGAT
 10 GATAAGCTGTCAACATA

SEQ ID N° 44 >gi|4258693|gb|AI415189.1|AI415189 mc07e05.x1 Soares mouse p3NMF19.5 Mus
 musculus cDNA clone IMAGE:347840 3' similar to gb:X06233 CALGRANULIN B (HUMAN);
 gb:M83219 Mus musculus intracellular calcium-binding protein (MOUSE);, mRNA
 15 sequence
 TTTTTTTTTTTTTTTTTTTGGATAAAGACTTATTTATTATTTATCTTATCATTTCCCAGAACAA
 AGGCCATTGAGTAAGCCATTCCCTTTAACTTGGTTGGGCAGCTGTCACATGGCTGACCTCT
 TAATTACTTCCCACAGCCTTTGCCATGACTGTGGCCATGCCACGTGGGTTGTTCTCATGCA
 GCTTCTCATGACAGGCAAAGATCAACTTTGCCATCAGCATCATACACTCCTCAAAGCTCAG
 20 CTGATTGTCCTGGTTTGTGTCCAGGTCCTCCATGATGTCATTTATGAGGGCTTCATTTCTCTT
 CTCTTTCTTCATAAAAGGTTGCCAAACTGTGCTTCCCACCATTTGGTCTGAATTCCTTCTTGC
 TCAGGGTGTAGGGGNGGGTCTTCCTTCTTAAAGTATTGATGAAAGGGGGCCAGATGGGGGG
 GTTATGCTGCGCTCCATCTGAAAAGTGGCTTTGGTGGGCCAT

25 SEQ ID N° 45clone IMAGE:1961521 3' similar to gb:X06233 CALGRANULIN B (HUMAN);,mRNA
 sequence
 TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGGAGGAAGAGACTTTATTTGGCCCCAGCCCCCTAGCCCCA
 CAGCCAAGACAGTTTGACATAACAGGCCCGGGGCCCTGGTTGGGTAGAGGCAGGGTGGC
 CTGGCCTCCTGATTAGTGGCTGTGGCCGTGGCCACCATGACTGTGGCCGTGGCCGGGGCCA
 30 CTGTGATCTTGGCCACTGTGGTCTTAGGGGGTGGCCTCCCCGAGGCCTGGCTTATGGTGGTG
 GCCAGGGCCCTCGTCACCCTCGTGCATTTTTCTGTGGGAGGCCAGGTTAGCCTCGCCATCA
 GCATGATGAACTCCTGGAGCTCAGCTGCTTGTCTGCATTTGGGTCCAGGTCCTCCATGATGT
 GTTCTATGACCTTTTCATTCTTATTCTCCTTCTTGA

35 SEQ ID N° 46 >gi|4437201|gb|AI523066.1|AI523066 ar68a07.x1 Barstead aorta HPLRB6 Homo
 sapiens cDNA clone IMAGE:2127732 3' similar to gb:X06233 CALGRANULIN B
 (HUMAN);, mRNA sequence
 GGAGGAAGAGACTTTATTTGGCCCCAGCCCCCTATCCCCACAGCCAAGACAGTTTGACATAA
 CAGGCCCGGGGCCCTGGTTGGGTAAAGGCAGGGTGGCCTGGCCTCCTGATTAGTGGCTGT
 40 GGCCGTGGCCACCATGACTGTGGCCGTGGCCGTGGCCACTGTGATCTTGGCCACTGTGGTC
 TTAGGGGGTGGCCTCCCCGAGGCCTGGCTTATGGTGGTGGCCAGGGCCCTCGTCACCCTCG
 TGCATCTTCTCGTGGGAGGCCAGGTTAGCCTCGCCATCAGCATGATGAACTCCTCGAAGC
 TCAGCTGCTTGTCTGCATTTGTGTCCAGGTCCTCCATGATGTGTTCTATGACCTTTTCATTCT
 TATTCTCCTTCTTGAGAAAATTTGCAGATCTTTTCGCACCAGCTCTTNGAATTCCC
 45

SEQ ID N° 47 >gi|4506772|ref|NM_002965.1|S100A9| Homo sapiens S100 calcium-binding protein
 A9 (calgranulin B) (S100A9) mRNA
 AATTCGCTCGGCTTTGACAGAGTGCAAGACGATGACTTGCAAAATGTCGCAGCTGGAACGC
 AACATAGAGACCATCATCAACACCTTCCACCAATACTCTGTGAAGCTGGGGCACCCAGACA
 50 CCCTGAACCAGGGGGAATTCAAAGAGCTGGTGCGAAAAGATCTGCAAAATTTTCTCAAGAA
 GGAGAATAAGAATGAAAAGGTCATAGAACACATCATGGAGGACCTGGACACAAATGCAGA
 CAAGCAGCTGAGCTTCGAGGAGTTCATCATGCTGATGGCGAGGCTAACCTGGGCCTCCAC
 GAGAAGATGCACGAGGGTGACGAGGGCCCTGGCCACCACCATAAGCCAGGCCTCGGGGAG
 GGCACCCCTAAGACCACAGTGGCCAAGATCACAGTGGCCACGGCCATGGCCACAGTCATG

GTGGCCACGGCCACAGGCCACTAATCAGGAGGCCAGGCCACCCTGCCTCTACCCAACCAGG
GCCCCGGGGCCTGTTATGTCAAACGTCTTGGCTGTGGGGCTAGGGGCTGGGGCCAAATAA
AGTCTCTTCTCCAAGCT

- 5 SEQ ID N° 48 >gi|4618444|gb|AI609277.1|AI609277 tw83g12.x1 NCI_CGAP_HN5 Homo sapiens cDNA
clone IMAGE:2266342 3' similar to gb:X06233 CALGRANULIN B (HUMAN);, mRNA
sequence

10 GACTTGGAGGAAGAGACTTTATTTGGCCCCAGCCCCTAGCCCCACAGCCAAGACAGTTTGA
CATAACAGGCCCCGGGGCCCTGGTTGGGTAGAGGCAGGGTGGCCTGGCCTCCTGATTAGTG
GCTGTGGCCGTGGCCACCATGACTGTGGCCGTGGCCGTGGCCACTGTGATCTTGGCCACTG
TGGTCTTAGGGGGTGGCCTCCCCGAGGCCTGGCTTATGGTGGTGGCCAGGGCCCTCGTCAC
CCTCGTGCATCTTCTCGTGGGAGGCCAGGTTAGCCTCGCCATCAGCATGATGAACTCCTCG
AAGCTCAGCTGCTTGTCTGCATTTGTGTCCAGGTCTCCATGATGTGTTCTATGACCTTTTC
15 ATTCTTATTCTCCTTCTTGAGAAAATTTTGCAGATCTTTTCGCACCAGCTCTTTGAATTCCC

SEQ ID N° 49>gi|4998166|gb|AI708390.1|AI708390 at13b02.x1 Barstead aorta HPLRB6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2354955 3' similar to gb:X06233 CALGRANULIN B (HUMAN);, mRNA sequence

20 TGA CTTGGAGGAAAAA CTTTATTTGGCCCCAGCCCCTAGCCCCACAGCCAAAACAGTTTG
ACATAACAGGCCCCGGGGCCCTGGTTGGGTAGAGGCAGGGGGGCCTGGCCTCCTGATTAGT
GGCTGTGGCCGGGGCCACCATGACTGTGGCCGGGGCCGGGGCCACTGTGATCTTGCCACTG
GGGTCTTAGGGGGTGGCCTCCCCGAGGCCTGGTTTATGGTGGTGGCCAGGGCCCTTGTAC
CCTTGTGCATTTTTTCTGTTGGGAGGCCAGGTTAGCCTCGCCATCAGCATGATGAACTCCTC

- 25 SEQ ID N° 50 >gi|5037688|gb|AI720432.1|AI720432 as81f09.x1 Barstead colon HPLRB7 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2335145 3' similar to gb:X06233 CALGRANULIN B (HUMAN);, mRNA sequence

30 GGAGGAAGAGACTTTATTTGGCCCCAGCCCCTAGCCCCACAGCCAAGACAGTTTGACATAA
CAGGCCCCGGGGCCCTGGTTGGGTAGAGGCAGGGTGGCCTGGCCTCCTGATTAGTGGCTGT
GGCCGTGGCCACCATGACTGTGGCCGTGGCCGTGGCCACTGTGATCTTGGCCACTGTGGTC
TTAGGGGGTGGCCTCCCCGAGGCCTGGCTTATGGTGGTGGCCAGGGCCCTCGTCACCCTCG
TGCATTTTCTCGTGGGAGGCCAGGTTAGCCTCGCCATCAGCATGATGAACTCCTCGAAGCT
CAGCTGCTTGTCTGCATTTGTGTCCAGGTCTCCATGATGTGTTCTATGACCTTTTCATTCTT
35 ATTCTCCTTCTTGAGAAAATTTTGCAGATCTTTTCGCACCAGCTCTTTGAATTCCCCCTGGTT
CAGGGTGTCTGGGTGCCCCA

SEQ ID N° 51>gi|188689|gb|M21064.1|HUMMRP14A Human migration inhibitory factor-related protein 14 (MRP14) gene, complete cds

40 ATCACTGTGGAGTAGGGGAAGGGCACTCCTGGGGTGGCAAGGTGGGAGGTGGGCCCTGTG
TTCCACAGTGGGCAGGGAGGTAGTGAAAGGGAAGCTGGCCGGACAGGAAGGGCCATTCC
AAGAGGGCTTTGTGCGCAGGGCTAAGCCAAGCTTTCTCCATAGGCAATGGGGAGCAACTGG
AGGTTTCGTAGCAGGAGAAGGACACATCAAGCCCACCAGGAGGCTAAGTAAAAACAGTTGT
CTCCCAAGTTATAAGTTCCTGGAACCCTTGCTGGGAGCAGGATTTAGAAAAATGATGCTGA
45 GAGATGCTAGAAACATATTGCCCCGAGGCTCTCTCACTCAGACTGCAAGAGGAAGGTATC
ATCAGAATTGCCCTTAACCAGGAACCAGAATAGCTGGGTCCCCTTCTGCCAAGTCAGCAA
CCAGCTATGTGACCTTGCTCAGGTCCATCTCCGGGTGTCAGTTTCTTCATCTACAATGCAAG
AGGGTTGCCACCTCTGAGAACCCTTCTAACCCCAAATCTCACCTATGAATCTAAGAACA
CAACCCCTCGCCATCTAAGTATCACAGAGCCAGGCAAGCATGGGTGAGAGCTCAGACCAT
50 CCTTGTGGACTAAAAGGAAGGGGCAGACTGCCATGGGGGGCAGCCGAGAGGGTCAGGCC
CCCATAGGTCTCAGCCTGCTTCAACCTCAAAGGGGATGGGGGGCTGAGTGGTGCCAGAGG
AGCAGCAGGCTCGCTCGGGGAGAGTAGGGCCTTAGGATAGAAGGGAAATGAACTAAACAA
CCAGCTTCCTGCAAACCAAGTTTCAGGCCAGGGCTGGGAATTTACAAAAAAGCAGAAGGCG
CTCTGTGAACATTTCTGCCCCGCCCCAGCCCCCTTCTGGCAGCATTAGCACACTGCTCAC

CTGTGAAGCAATCTTCCGGAGACAGGGCCAAAGGGCAAGTGCCCCAGTCAGGAGCTGCCTA
 TAAATGCCGAGCCTGCACAGCTCTGGCAAACACTCTGTGTGGCTCCTCGGCTTTGGTAAGT
 GAGCTGCCAGCTTCCCCAGGCAGAAGCCTGCCTGCCGATTCCTTCTTTCCTTCCCTGACCCA
 ACTTCCTTCCAAATCCTCCTCCTAGAAAGCCCTCCTTGGTTGGCCCTGCCTACTTTAAAGCTT
 5 CTTTCACATTTTCTTAGGTCATGTTCCCTGGGGCCTCCTGCCCTCAAATGCTTTGCTTTTG
 GCACTCTGTAGATATTCTAAAAAATCATTTTGTACATGTGTGTGACAGGCCATCTCCCAAGT
 AAGTTGCAGCCTGTGCTTTCTTTTATTTTGCACCTCCCCCACTATTTCTGTGAGTGCTTAGT
 AGGAAGTGTCAAAGAAGCTTGACAGCATTTTCTTCTAAGTGTCCCAACTCTTGGTTTTCCAT
 TACACAGACAGAGTGCAAGACGATGACTTGCAAAATGTGCGAGCTGGAACGCAACATAGA
 10 GACCATCATCAACACCTTCCACCAATACTCTGTGAAGCTGGGGCACCCAGACACCCTGAAC
 CAGGGGGAATTCAAAGAGCTGGTGCAGAAAAGATCTGCAAAATTTTCTCAAGGTAGGGCTGG
 ACTCTGGCAGGTCTGACCCAGCCTCACCGCAGTTTGGGTTGACAAGGGAGGATGGGAGTAT
 GGGCTACAGCAATCAAGGGGAAGATTTGAGCTCCTGGAGCCCAGCCCCAAGACGCAGCGA
 GTGTCCTGTTATACAGGGCAGGTGCTCACAGTTACACAGGACGACAGGGTCAAGAAATTGC
 15 TCAATTGAACACCTGCTATTTGTGCGGGCCCTGTTCTGGGCAGAGGGATGTAGTGGTAAATG
 GGAGCCCACTATTCCATGAGGAGACACACAGTAAAGTTGTTGGCCAATAAAGAGCACAGAT
 AAAGCCAAATGCCAATAAGTGCCTGGAAGAAAATGAGATAGAGTGCCTGTGGGCAATGG
 GGCTGGGTGGGGTGGAGGTGACCAGTTAGGGTACATGAGAAGGGCCTCTTTGAGGAGGTA
 ACATTTGAGCTGAGCCCCGAATGTTGGGGAGGGAAGCCCCTGAGGATGACACTTGGCACA
 20 AGCTGAGGAGACCCTAAGCCTCAGGGCGAAGTTGGGGTGGAAGACTTGGGGGCTTTTCTAA
 TCCTAAGGGTCTGCGGTGGAATAATGAATGCATAAAGAGCACATGGAGAGCACCTGCACAG
 CACTCAGGGAAGTGGGAGGTTTTTCCCCGCTCCAAAAATGATTAGGCAGTTCTAAGAAAA
 AGGCTGAGCACTTCCAACAGCCTTTTTGTTTTCTTTCAAATTTGGGGAAAGTCGGGAAACA
 GAGGCCTGCATTAAGAAGGGTGAACACATGGGTCTCAGTCTCAGTTCAGTCCCGGAGCC
 25 AGACATCCTGGGGTAGGTCCCCAGCCCTCCAGTGCCCCCTCCCTCCGCCTTGGTAAGGTGG
 AGAATTGCAGCCTTCAGAGTTAGGGGCCCTGACAGCTCTCCATAGGTGGAGGCCTCAGGCA
 GGCAGGATGCTGGGTGGGGTAGGCAAGAAAGGGGCCAGCAGAGAGGCCGCATCGGAAAAAC
 TATCTCCATGTGACCCCCCTATGCCCGCTTACCCCCCACCTGACATCCCCCACCAGAAGCA
 AAGCGATGCTGTGGGAAAGGAAGCAGAGCCTCATGGATGGGCTGCACAGGAGAGTGCTCG
 30 CATTGGCTGGGTACCCACAGGTTCTGGGAGGGGACTTAGCGAGGTGACTCAGTGCCCTCGG
 CCTCCCAAAGTGCTGGGATTACAAGCATGAGCCACCCTGTCCGACCATGCCCCTTTTATAC
 TTTATCACACCCTTGAGGTCAGCGGAGCACATACTCTGCTCTCTGACCCTCCATCTCCCCCTG
 CCCACACCTAGGTTTTTCTAGTGTTCCTCCGTTGTATTGGTTGAAATAAGTTTCACTAATTG
 GTAACCTCCAGAGGGAAGGGAAGGGAGGGCAGGGGAAGGAGTGAAGTGCAGAGGGGTAG
 35 CAGAGTGGAAGTGGCCTCTAAGTCAGATCTGAATTTGCATGCCCTCAATAGTCAAGCCTGT
 GAAACTAATGACCCTCTCTAGGACTGGTTTCAAGTCTTCTCCAGGAAGATACCATTCTTA
 GCTGTTAAAGTTGTTATAAGGACCAATGAGGTGACATTTCCAGGCTTACTCATGCCATGA
 CCAGGGCAAGACCCTGGAAGTCAAGCTTCTCTATAAATAGAGAATCAGCACCCAAGTC
 ACAGGGTCATGGAGGGAATAAAGTGGAGAGCGTTTGGTATGTGCTCAGTGTCTGCTCCATT
 40 GTGCGCACTCAGCCTATGGTCATTTTAAATTTTAAATCCAGCCCCAGGGTCGAGGCTTCT
 TGTACATTTGCCAGCTGGTCATTTACTGTGCTCCAGTCCCCACCTCTGGCCACACCCAGCT
 CTCACAGCCTTCTCTCCCCACCCGCAGAGGAGAATAAGAATGAAAAGGTCATAGAACACA
 TCATGGAGGACCTGGACACAAATGCAGACAAGCAGCTGAGCTTCGAGGAGTTCATCATGCT
 GATGGCGAGGCTAACCTGGGCCTCCACGAGAAGATGCACGAGGGTGACGAGGGCCCTGG
 45 CCACCACCATAAGCCAGGCCTCGGGGAGGGCACCCCTAAGACCACAGTGGCCAAGATCA
 CAGTGGCCACGGCCACGGCCACAGTCATGGTGGCCACGGCCACAGGCCACTAATCAGGAG
 GCCAGGCCACCCTGCCTCTACCCAACCAGGGCCCCGGGGCTGTTATGTCAAAGTGTCTTGG
 CTGTGGGGCTAGGGGCTGGGGCAAATAAGTCTTCTCTCCAAGTCAGTGTCTGTGTGCTTC
 TTCCACCTCTTCTCCAACCTGCCTTCCAGGGCTCTGGCATTAGACAGCCCTGTCTTAT
 50 CTGTGACTCAGCCCCCTCATTCAGTATTAACAAAATGAGAAGCAGCAAAACATGGGTCTGT
 GCTGGGGCCCTTGGCTCACCTCCCTGACCATGTCTCACCTCTGACTTCAGGCCCCACTGTT
 CAGATCCCAGGCTCCCTGCCCCATCTCAGACACCCTGTCCAGCCTGTCCAGCCTGACAAAT
 GGCCCTTGTCACTGTACACTGTAGAAAGCAAAAAGGCATATCTCTACCCCTTGATATGCCT
 GCTACCTACCAACCAGCCCCAAGCCTGTCTTACCCATCACTGTCTACACAGCCCTCTCTC

TCTCCTAACAGAATTCTATTCTCTGAAAGTCTTCAGAACTGGACCTAGATAGTGCCATGT
CTGGGGAGGAATATGGCACCAGGCAGTGGAACAAGGACAGATCGGTGTGTTATCTCACAT
TTGATCAGAGAGCATGATCTCTCTTAACAGACCTGCCACCCTAATCAACGGGAGTGCTCAC
ACAAGTGGGAGTCTGAGAGCTTAGCCCTATGCCACCCTGG

5

SEQ ID 52>gi|4506772|ref|NM_002965.1|S100A9| Homo sapiens S100 calcium-binding protein
A9 (calgranulin B) (S100A9) mRNA

AATTCGCTCGGCTTTGACAGAGTGCAAGACGATGACTTGCAAAATGTGCGCAGCTGGAACGC
AACATAGAGACCATCATCAACACCTTCCACCAATACTCTGTGAAGCTGGGGCACCCAGACA
10 CCCTGAACCAGGGGGAATTCAAAGAGCTGGTGCGAAAAGATCTGCAAAATTTTCTCAAGAA
GGAGAATAAGAATGAAAAGGTCATAGAACACATCATGGAGGACCTGGACACAAATGCAGA
CAAGCAGCTGAGCTTCGAGGAGTTCATCATGCTGATGGCGAGGCTAACCTGGGCCTCCAC
GAGAAGATGCACGAGGGTGACGAGGGCCCTGGCCACCACCATAAGCCAGGCCTCGGGGAG
GGCACCCCTAAGACCACAGTGGCCAAGATCACAGTGGCCACGGCCATGGCCACAGTCATG
15 GTGGCCACGGCCACAGGCCACTAATCAGGAGGCCAGGCCACCCTGCCTCTACCCAACCAGG
GCCCCGGGGCCTGTTATGTCAAAGTGTCTTGGCTGTGGGGCTAGGGGCTGGGGCCAAATAA
AGTCTCTTCTCCAAGCT

SEQ ID N°53 > NAME = 'Reverse-Translation of SAP B FR' : TYPE = DNA

20 GAYAAAYGGNGAYGTNTGYCARGAYTGYATHCARATGGTNACNGAYATHCARACNGCNGTN
MGNACNAAYWSNACNTTYGTNCARGCNYTNGTNGARCA YGTNAARGARGARTGYGAYMG
NYTNGGNCCNGGNATGGCNGAYATHTGAAARAA YTAATHWSNCARTAYWSNGARATHGC
NATHCARATGATGATGCAYATGCARGAYCARCARCCNAARGARATHTG YGCNYTNGTNGGN
25 TTYTGYGAYGARGTN

SEQ ID N° 54>gi|337755|gb|J03015.1|HUMSAP Homo sapiens sphingolipid activator protein 1
mRNA, 3' end

CGCGCTATGTACGCCCTCTTCTCTCTGGCCAGCCTCCTGGGCGCGGCTCTAGCCGGCCCCGGT
CCTTGGACTGAAAGAATGCACCAGGGGCTCGGCAGTGTGGTGCCAGAATGTGAAGACGGC
30 GTCCGACTGCGGGGAGTGAAGCACTGCCTGCAGACCGTTTGGAACAAGCCAACAGTGAA
ATCCCTTCCCTGCGACATATGCAAAGACGTTGTACCCGACGCTGGTGATATGCTGAAGGAC
AATGCCACTGAGGAGGAGATCCTTGTCTTACTTGGAGAAGACCTGTGACTGGCTTCCGAAAC
CGAACATGTCTGCTTCATGCAAGGAGATAGTGGACTCCTACCTCCCTGTCATCCTGGACATC
ATTAAGGAGAAATGAGCCGTCCTGGGAGGTGTGCTCTGCTCTCAACCTCTGCGAGTCTC
35 TCCAGAAGCACCTAGCAGAGCTGAATCACCAGAAGCAGCTGGAGTCCAATAAGATCCCAG
AGCTGGACATGACTGAGGTGGTGGCCCCCTTCATGCCAACATCCCTCTCCTCTACCCCT
CAGGACGGCCCCCGCAGCAAGCCCCAGCCAAAGGATAATGGGGACGTTTGCCAGGACTGC
ATTCAGATGGTGACTGACATCCAGACTGCTGTACGGACCAACTCCACCTTTGTCCAGGCCTT
GGTGGAAACATGTCAAGGAGGAGTGTGACCGCCTGGGCCCTGGCATGGCCGACATATGCAA
40 GAACTATATCAGCCAGTATTCTGAAATTGCTATCCAGATGATGATGCACATGCAACCCAAG
GAGATCTGTGCGCTGGTTGGGTTCTGTGATGAGGTGAAAGAGATGCCCATGCAGACTCTGG
TCCCCGCCAAAGTGGCCTCCAAGAATGTCATCCCTGCCCTGGAAGTGGTGGAGCCCATTAA
GAAGCACGAGGTCCCAGCAAAGTCTGATGTTTACTGTGAGGTGTGTGAATTCCTGGTGAAG
GAGGTGACCAAGCTGATTGACAACAACAAGACTGAGAAAGAAATACTCGACGCTTTTGAC
45 AAAATGTGCTCGAAGCTGCCGAAGTCCCTGTGCGAAGAGTGCCAGGAGGTGGTGGACACGT
ACGGCAGCTCCATCCTGTCCATCCTGTGGAGGAGGTGACCCCTGAGCTGGTGTGCAGCAT
GCTGCACCTCTGCTCTGGCACGCGGCTGCCTGCACTGACCGTTACGTGACTCAGCCAAAG
GACGGTGGCTTCTGCGAAGTGTGCAAGAAGCTGGTGGGTTATTTGGATCGCAACCTGGAGA
AAACAGCACCAAGCAGGAGATCCTGGCTGCTCTTGAGAAAGGCTGCAGCTTCTCTGCCAGA
50 CCCTTACCAGAAGCAGTGTGATCAGTTTGTGGCAGAGTACGAGCCCGTGCTGATCGAGATC
CTGGTGGAGGTGATGGATCCTTCTTCTGCTGTGCTTGAATTTGGAGCCTGCCCTCGGCCCA
TAAGCCCTTGTGGGAACTGAGAAGTGTATATGGGGCCCAAGCTACTGGTGCCAGAACACA
GAGACAGCAGCCAGTGCAATGCTGTGAGCATTGCAAACGCCATGTGTGGAAGTGGAG
GAGGAATATTCCATCTTGGCAGAAACCACAGCATTGGTTTTTTTCTACTTGTGTGTCTGGG

GAATGAACGCACAGATCTGTTTGACTTTGTTATAAAAAATAGGGCTCCCCACCTCCCCATT
 TCTGTGTCTTTATTGTAGCATTGCTGTCTGCAAGGGAGCCCCTAGCCCCTGGCAGACATAG
 CTGCTTCAGTGCCCCCTTTTCTCTCTGCTAGATGGATGTTGATGCACTGGAGGTCTTTTAGCC
 TGCCCTTGCAATGGCGCCTGCTGGAGGAGGAGAGAGCTCTGCTGGCATGAGCCACAGTTTCT
 5 TGA CTGGAGGCCATCAACCCTCTTGGTTGAGGCCTTGTCTGAGCCCTGACATGTGCTTGGG
 CACTGGTGGGCCTGGGCTTCTGAGGTGGCCTCCTGCCCTGATCAGGGACCCTCCCCGCTTTC
 CTGGGCCTCTCAGTTGAACCAAGCAGCAAAACAAAGGCAGTTTTATATGAAAGATTAGAA
 GCCTGGAATAATCAGGCTTTTTAAATGATGTAATTCCTACTGTAATAGCATAGGGATTTTGG
 AAGCAGCTGCTGGTGGCTTGGGACATCAGTGGGGCCAAGGGTTCTCTGTCCCTGGTTCAAC
 10 TGTGATTTGGCTTTCCCGTGTCTTTCCTGGTGATGCCTTGTGTTGGGGTTCTGTGGGTTTGGGT
 GGGAAAGAGGGGCCATCTGCCTGAATGTAACCTGCTAGCTCTCCGAAGCCCTGCGGGCCTGG
 CTTGTGTGAGCGTGTGGACAGTGGTGGCCGCGCTGTGCCTGCTCGTGTGCTTACATGTCCC
 TGGCTGTTGAGGCGCTGCTTACGCTGCACCCCTCCCTTTGTCTCATAGATGCTCCTTTTGA
 CCTTTTCAAATAAATATGGATGGCAAGCTCCTAGGCCTCTGCTTCCTGGTAGAGGGCGGCA
 15 TGCCGAAGGGTCTGCTGGGTGTGGATTGGATGCTGGGGTGTGGGGGTGGAAGCTGTCTGT
 GGCCCACTTGGGCACCCACGCTTCTGTCCACTTCTGGTTGCCAGGAGACAGCAAGCAAAGC
 CAGCAGGACATGAAGTTGCTATTAATTGACTTCGTGATTTTGTGTTTGCCTAAAGTTTCT
 GTGATTTAACAATAAAATTCTGTTAGCCAG

20 SEQ ID N° 55 >gi|337761|gb|M32221.1|HUMSAPABCD Human saposin proteins A-D mRNA,
 complete cds
 CGCGCTATGTACGCCCTCTTCCTCCTGGCCAGCCTCCTGGGCGCGGCTCTAGCCGGCCCCGGT
 CTTTGGACTGAAAGAATGCACCAGGGGCTCGGCAGTGTGGTGCCAGAATGTGAAGACGGC
 GTCCGACTGCGGGGCACTGAAGCACTGCCTGCAGACCGTTTGAACAAGCCAACAGTGAA
 25 ATCCCTTCCCTGCGACATATGCAAGACGTTGTCACCGCAGCTGGTGATATGCTGAAGGAC
 AATGCCACTGAGGAGGAGATCCTTGTGTTACTTGGAGAAGACCTGTGACTGGCTTCCGAAAC
 CGAACATGTCTGCTTCATGCAAGGAGATAGTGGACTCCTACCTCCCTGTCATCCTGGACATC
 ATTAAGGAGAAATGAGCCGTCCTGGGAGGTGTGCTCTGCTCTCAACCTCTGCGAGTCTC
 TCCAGAACACCTAGCAGAGCTGAATCACCAGAAGCAGCTGGAGTCCAATAAGATCCAG
 30 AGCTGGACATGACTGAGGTGGTGGCCCCCTTCATGGCCAACATCCCTCTCCTCCTTACCCT
 CAGGACGGCCCCCGCAGCAAGCCCCAGCCAAAGGATAATGGGGACGTTTGCCAGGACTGC
 ATTCAGATGGTGACTGACATCCAGACTGCTGTACGGACCAACTCCACCTTTGTCCAGGCCTT
 GGTGGAACATGTCAAGGAGGAGTGTGACCGCCTGGGCCCTGGCATGGCCGACATATGCAA
 GAACTATATCAGCCAGTATTCTGAAATTGCTATCCAGATGATGATGCACATGCAACCCAAG
 35 GAGATCTGTGCGCTGGTTGGGTTCTGTGATGAGGTGAAAGAGATGCCCATGCAGACTCTGG
 TCCCCGCCAAAGTGGCCTCCAAGAATGTCATCCCTGCCCTGGAACCTGGTGGAGCCCATTAA
 GAAGCACGAGGTCCCAGCAAAGTCTGATGTTTACTGTGAGGTGTGTGAATTCCTGGTGAAG
 GAGGTGACCAAGCTGATTGACAACAACAAGACTGAGAAAGAAATACTCGACGCTTTTGAC
 AAAATGTGCTCGAAGCTGCCGAAGTCCCTGTCCGAAGAGTGCCAGGAGGTGGTGGACACGT
 40 ACGGCAGCTCCATCCTGTCCATCCTGCTGGAGGAGGTGAGCCCTGAGCTGGTGTGCAGCAT
 GCTGCACCTCTGCTCTGGCACGCGGTGCCTGCACTGACCGTTACGTGACTCAGCCAAAG
 GACGGTGGCTTCTGCGAAGTGTGCAAGAAGCTGGTGGGTTATTTGGATCGCAACCTGGAGA
 AAAACAGCACCAAGCAGGAGATCCTGGCTGCTCTTGAGAAAGGCTGCAGCTTCTGCCAGA
 CCCTTACCAGAAGCAGTGTGATCAGTTTGTGGCAGAGTACGAGCCCGTGTGATCGAGATC
 45 CTGGTGGAGGTGATGGATCCTTCCTTCGTGTGCTTGAAAATTGGAGCCTGCCCTCGGCCCA
 TAAGCCCTTGTGTTGGGAAGTGAAGTGTATATGGGGCCCAAGCTACTGGTGCCAGAACACA
 GAGACAGCAGCCAGTGCAATGCTGTGAGCATTGCAAACGCCATGTGTGGAAGTAGGAG
 GAGGAATATTCCATCTTGGCAGAAACCACAGCATTGGTTTTTTTCTACTTGTGTGTCTGGG
 GAATGAACGCACAGATCTGTTTGACTTTGTTATAAAAAATAGGGCTCCCCACCTCCCCATT
 50 TCTGTGTCTTTATTGTAGCATTGCTGTCTGCAAGGGAGCCCCTAGCCCCTGGCAGACATAG
 CTGCTTCAGTGCCCCCTTTTCTCTCTGCTAGATGGATGTTGATGCACTGGAGGTCTTTTAGCC
 TGCCCTTGCAATGGCGCCTGCTGGAGGAGGAGAGCTCTGCTGGCATGAGCCACAGTTTCT
 TGA CTGGAGGCCATCAACCCTCTTGGTTGAGGCCTTGTCTGAGCCCTGACATGTGCTTGGG
 CACTGGTGGGCCTGGGCTTCTGAGGTGGCCTCCTGCCCTGATCAGGGACCCTCCCCGCTTTC

CTGGGCCTCTCAGTTGAACCAAAGCAGCAAAACAAAGGCAGTTTTATATGAAAGATTAGAA
 GCCTGGAATAATCAGGCTTTTTAAATGATGTAATTCCTACTGTAATAGCATAGGGATTTTGG
 AAGCAGCTGCTGGTGGCTTGGGACATCAGTG

- 5 SEQ ID N° 56>gi|3451333|gb|AC005525.1|AC005525 Homo sapiens chromosome 19, cosmid F22162, complete sequence Perlecan
 GATCTTGGCTCACTGCAACCTCCGCTCCAAGGTTCAAGCGATCCTCCCACCTCAGCCTCCC
 AAGTAGCTGGGATTACAAGCGTGTGCTATCACACCTGGCTAATTTTTATATTTTTTGGTAGAG
 ATGGGGTTTTACCTTGTGGTTAGGCTGGTCTTGAACCTCCTGACCTCAGGTGATCTGCCTGC
 10 CTCAGCCTCCCAAAGTGCTGGGATTACAGGTGTGAGCCACCGCGCCCAGCCTGACCTTTT
 TTTCTCTACTGGCAAACTCCTGCTCCTTTTTAAAGCCAAGCTCATGTCACTCCTCTGTGA
 AGTCTCGCTGACTCCCCAAGCGGTCAAGTGTCTCTCTCGTATGGGCTCCCCGGCCCCCTGCAC
 TGCTCTCCATCACACCCTGACCCTCTGGGCAGTGGCCCCCTCCCCACCCACTGACTATGG
 GCTCCTTGAAGGCAGGGCCTGGGTCTGCCCATCTCTGTGTCCCCAGCAATGCTGGGCATG
 15 AGTCAGCCTCAGAAGACATCTGCTGAATGGCTGCAAACCAGAGGAAATATCTCCAGCCTCA
 GGCTGGGACCCCTCCCCTCTCTCCTCCCACCTCTGACTTCATACCACTCACCTCCAGAGTC
 TTCAATGCCCACTATTACTTCACACAGTTGGCCTGTGACAGGCAATCAGGTCACTGTCACAG
 GCTACCAGGTGTTTCTATGTCTACTGTGACTTCCAGGACCACAAGCCCTTTTGGCCCCACCAT
 GTCTTCACCTAAGAGATCTTCAAAGCCCAGTATGTCTCTGGCACCCAGTGGATCCTCCATGC
 20 CCACTGCGGATCCCAAGCCTCCTGCCTCCTTGAAGTCCACCAAATCAGCAACACCCAACAG
 ATCCTTAGTGCCCAACAAACCAGCGACATCCCGTAACTCAGTCATGAGCCCAAGCAGTTCC
 AAGTCCACCAAAATCGACCAAGTACAAAAAGAGCCCCCTTCTAACCAGGCCAGCAGCAGGTCCC
 GAGTCCGCAGCAAAGCAAGAACACCCAGCAGGGTGAGCACCGACACCAGGACCAGCAAAG
 CCAGCAAGGCCAGCGACGTGAGATGCCACCAGCGGAGGGGCACACAGCCGGGGTAGGA
 25 CACCTGGCAGAGGGGAAGCCGAGCTCCAAGAGGTACCCAGCAGGGCCAGCAGCTCCTG
 GCAGGATAAGAACTCATGGTGCCAGACCAGGCATGGCCAGCAGGGTGAGAACTCCCACTTC
 ACAGCAAAAAGGGAGCCGGGGAAAGAGTTACGGCCGGCCTAGAACCAGCAACAGGGAAA
 GGAGTGACAGCCAGCCTAGAAATCTGAGCAAGAAGAGTTACCGCCACCAGGAGGCTCAG
 GTATAGGGAGGAGTTCGAGCTGGCTGTAACCTCCAGTACAGCCAAGTGTCAAACCCCGAC
 30 TGGAATTCCCTCCAAGGAGAAGAGTGACAACCCATCTCCATCCTCATCAAGGAAGGTGAAG
 AGCTACGGTCAGATGATCATCCCCAGTAGGGAAAAGAGTTACAGCCCCACTGAAATGTCCA
 GCAGGGTCAAGAGTTATAACCAGGCCAGCACCCGAGCAGGCCGCAAAGTCAACAGCCAAT
 CTAGAAGCCCCAGAAGGTCAAGAAGTGGCAGTCAGAAGAGGACGCACAGCAGAGTGAGAA
 GTCACAGTTGGAAGAGAAACCATAGCAGGGCAAGAAGTCGCACCCGGAAGGGAAATTCTGA
 35 GCCAGATGGGAAGACACAGCCAGTCTAGAAGCCACAGCAAGGGGAAAAGTCAAAACCAAT
 CTAGAACCCCCAGAAGAGGAAGAAGTCACAACTGGTCTAGAACCCCCAGCAAGGAAAGAA
 GTCATAGCCATTCCAGAAGCTCCAGCAAGAGAGAGATCACAGGGGATCTAGCAGCCCCA
 GGAAGGAGAGTGGTCGCAGTCAATCAGGAAGCCCCAACAAGCAGAGAGATCACAGCCGAT
 CTAGAAGTCCCAACAAGGCGAGAGATCGCAGCCGATCTAGAAGTCCCTACAAGGCGAGAG
 40 ATCGCAGCCGATCTAGAAGTCCCAACAAGGCGAGAGATTGCAGCCGATCTAGAAGTCCCTA
 CAAGGCGAGAGATCGCAGCCGATCTAGAAGTCCCAACAAGGCAAGAGATCATAGCCGATC
 TAGAAGTCCCAACAAGGCGAGAGATCGCAGCCGATCTAGAAGCCCCAGCAAGGAAAGAGA
 TCACAGCCAACCTTGAAGCCCCAGCAAAGAGAGAGATCACAGACGATCTAGAAGCCCCAG
 CAAGGAGAGACAGTGCAGACAATCTAGAAGTCCAGCAAAGAGAGAGATCACAGACGATC
 45 TAGAAGCCCCAGCAAGGAGAGACAGCGCAGACAATCTAGAAGCCCCAACAAGGAGAGAGA
 TCGCAGCCAATCTAGAAGCCCCAGCGAGGAGAGAGAGACACAGACAATCCAGAAGCCCCAG
 CAAAGAGAGAGATCGCAGACGATGGAGAAGCCCCAGCAAGGAGAGAGAGCGCAGACAAT
 CTAGAAGCTCCAGCGAGGAGAGAGATCACAGCCGATCTAGAAGCCCCAATAAGCAGAGTG
 GTTACAGTGGACCTAGAGCCTCCAGTCAAGGAGAGAAAGCTCATAGCCGATCTAGAAGCCCCAG
 50 CAAAGAAGGAAATCATAGCCAATCTAGAACCTCTAGCAAGGAGAGCGACCCCAAGTCAATC
 TACAGTCCCCAGAAGTCCCGACTGGAAGAGATCCCCTACTAGGACAAGCAGTCTCAGTCAG
 AATAGAACCCTAGCAAGACAAGCAGCCACTCCCCATCAACATTTCCAGTGGGGGCCAAA
 CCCTAAGCCAGGATGACAGTCAAGCCGACGCCACCACCTCTAAGGCCACCTTACCTGGGGA
 AAGGTCTTCATCATCTTCTTCCAAGCTGGCGTAGCCCCCAGTCTCAGCTGGCTCACGGGTCT

CTGTCATGACCGGGGGAGGGGACAGGAGACAGGAGCAGAGCAGCAGCTGAGCAGCGTCCC
 TCCCCGGCCAGCTCTCCACAGCCACACCTCCGGCCACAAGTTCTCTAATACAGGATGTTGG
 CAGGTAGAGAGGGATGCTGGATAGGGGGAAAGGAAAGACCTGTGATGATTCAATAAATTT
 TTACATAGCACCCATCCCCACCAAGCCCAACTGTGTGCTCACTGCTGGCATGGGGCACAGA
 5 GGACCCCAGCTCTGTCCCTGACTGTCTACAGGGTCTTGACTGCAAGCCCTGCCCTCTCTAG
 GTCTTTTTTTTTTTTGTAGACAGAGTCTCTCTCTGTTGCCCAGGCTGGAGTGCAGTGGTGTGA
 TCTCAGCTCACTGCAACCTCCACCTCCCAGGCTCAAGCAATTCTCCTACCTCAGCTTCCCGA
 GTAGCTGGAACATAAAGTGTGCGTCTCACGCCCCGGCTAATTTTGTATTTTAGTAGAGATG
 GGGCTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGGCTCGAACTCCTGACCTCAGGTGATCCACATGCCT
 10 CAACCTCGCAAAGTGCTGGGATTATAGGCATGAG
 CCACCGCACCCGTCCCCCTCTCTAGGTCTTAATTTCCGCATGTGGGCAACAAGGCTGCCTTC
 TGGTTCTTATTACAGTGGGGTAGGGAGAGGTGACACTCCAAATATTCAACAGTGGGGAGTG
 TGTGGGCACCAATCAGAACTGAGAGTGGAGCGGGACGGATACCAGGCCCTTAACCTTTAGT
 TGCTGGACCATGGGGAGGTCTGGGGTTGGGGAAGTGTTATGGGGAAAAAAAACCTCAAA
 15 CTGTGTTTTTCTCTACTCTCACACTATCACACAATCATCAACACAGAATTCTGTGACCAA
 ATGTGTGGGGCTTTTTCCCCACACACTACACAGCAGACAACAGCTAGGTGTCCCTCCGATT
 CCATTCCAACGCTGTCCCCACACCCAGCTAATTTTTGTATTTTTGGAAGAGACAGGGTTTCA
 CCATGTTGCCCAGAGCTCAAGCAATCTGCCCACTTCAGCCCTCCAAAGTGCTGGGATTACA
 GGCCTGAGCCACCACACCCGACTTTTTTAAAAAATAAAAAATAAGGCCGGGCGCAGTGACC
 20 CATGCCTGTAATCCCAGCACTTTGGGAGGCCGAGGTGGGCAGATCACCTGAGCTCAGGAGT
 TTGACACCAGCCTAGGCAACATGGCAAACTTGTCTCTAAAAAATAAATAAATTACAAA
 AGTTAGCCGGTGTGGTGGCATGTGCTTATAGTCCCAGCTACCTGAGAGGCTGAGGCAGGAG
 GATAAATTGAGCCTGGAAGGTCAAGGCTGCAGTGAGCCGTGACCTTGCCACTGCACTCAAG
 CCTGGATGACCATCTTACAAAAAATAAATTTTGTCTGGAGCTGCTCACAGAACTCAAGGA
 25 AATGCTTACTTAGATTACTGGTTTATTATAGAGGATATTGCAAAGAACAAGATGAAGAG
 ATGTGTAGGGCAAGGTATAAGGGAAGGGGCAGGGAGCTTCACGCCCTCCCTGGGGTGCTAC
 CCTACAGGAACCCCTCAGGTGGTTAGCTATGCGGAAGCTCTCCAAACCCAGTCCTCTTGGGT
 TTTTACGGAGGCTTTAAGACAGCAGCATTGGGCATGGACTTCTCTGAAAAGTGTCTTAAGA
 CCAACAATCAAGAAGGTGGGGAAGATTAGAGTCTTGCCCTGGGGCAGGAAATGGAGGGCA
 30 GGAGGAGGTGAGAGAGATTCTGTTTCTTACAGCCTGCCCCAGGCCTAAGGTACACAACATT
 ATAACAAGAGACTGTAACAAAGGCTGTAGGAGTTACCAGCCAGGAACTGTGGATGAAAAC
 CAATATATTTATATATATAATACCACAAGGGGGGTCCAAAGTGGCAGTTAGGGACAGGGAG
 TACTTGTGTAGCAGTGACACACCAACCCATCTGGAAGTATTTAATATTTAAACAATTGGTA
 TGGCTATACTAGTTTGTGATTATCAGCCTTAGTTCTGTATCAATTGGCAAGATAGTGTCTAG
 35 GTTTGCCACACTAGCTGTGTAGCACCAGCAAGAACTTAACCTTCTCTAGCCTGTTTCTCT
 TCTCTGGAAGAAAGGGGCTTCCAGGCCTTAACCTACGTACTCCCATAGACTAGCTGGGAA
 TTATCTCCTTTGTACAGATGAGGAAACAGACACAGAGGTGATAAGTGAGTAGCCCAAGGTC
 ACCATCTGGTAAGTGGATGAACTAGGATTGGAAGCCAGACCTTTCATAAAATGATTTCTCA
 GCTCAAAAGGTTTTTCTGAAGATTCACTAGGCTCACTGATAGAAATTGCTGGTGTGTGGCT
 40 GGTATTCCATCAAGAGTGGCCATTACTACTCCACCCCTGCCCTCTATAAACTCCAGATGT
 TCCAGACCTCTCATCTCTCCCTGTGCACACAAGGCCCTTTTACATCTGTGGGTCTTAGTACA
 CCCACTGTTGCTGTCAAGAATGTCTCCTCCTCTCTTTTTTTTTTTTTTTTGTAGATGGAGTCT
 CACTTTGTTGCCCAGGCTGGAGTACAGTAGCGGATCTCAGCTCACTGCAACCTCTACCCTG
 CATCAGCCTCCCTAGTAGCTGGGATTACAGGCAGCCACCACCACCATGCCCGGCTAATTTTT
 45 TGGTATTTTTAGTAGAGACAGGGTTTCATTATGTAGCCAGGCTGGTCTCAAACCTCTGACC
 TCAGGTGATCCATTTACCTTGGCCTCCCAGAGTGTCTGGGATTACAGGCAAGAGCCACCACG
 CCCAGCCCTCCTTCCCCCTTTTGGCCTGGAGACTCCTTTTACCCCTTCAAAGCCACCAC
 AAACATAAGAACCTCTATACTTCTTGCCCGCTGAAATACTGCCTCTGCCAGGAAGCCTTCTG
 TGACTTCTCTCTCTCCCTCTTACCAACGGACCGCCCCCGCCCCCAACCAACCCACCACAC
 50 ACACACACCACTACTGTCTTCCACTGTACTCCCTGACAGTAGAGAACCAAGCAGGGCCAGT
 TGATGCAGCCTCAGCTATATCTCTTACATGCCAAGGCCCATGCACTGGGGATACAATGGTG
 GAAAATACATGGTCCCTTCAAAGTCTGGATGTCAAGTTAATGCTGGGGACTAAAGAGAAA
 AGCTTCAGATTGAAACCTGGAGGTGGCTGGGGCAAAGGACCATGGGCATCATGGCAGGGC
 AACTTCCTAAAGAAAGCACCTAAATCTTGGCTTTTAAAGACAGATTTTATAATTGGCAGAG

GAGAATTCTAATGATACCCTATTGCCTACAGGGCCCCATCTAATTTGGGAATTCTACTTTAT
 ACCAAGATAAGATTGCCAGATTTAGCAAATAAAAAACAGAAGACATCCAATTAATTTTTTTG
 TTTGTTTTTGGGTTTTTGTGCGGAGATGGTGTCTCACTATGTTGCGAAGGCTGCTGTCAA
 TTCCTGGCTCAAACAATCCTCCTGCCTTGGCCTCCCACTTCCCAAAGTGCTGGGATTACAGG
 5 CATGAGCTACCACACCTGGCCCTTATTTATTTATTTATTTAATTTTCTTTTTTGGGACGGAGT
 GTCCTCTGTGCGCCAGGTTGGAGCGCAGTAGCGCGATCTCGGCTCACTGCAACCTCTGCCT
 CCTGGGTTCAAGCGATTATCCTGCCCCAGCCTCCCAAGTAGCTGGGACTACAGGCGCGTGC
 CACCATGCCCGGCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGGAGACGGAGTCTTGCTCTGTGCGC
 CAGGCTGGAGTGCAGTGGCACGATCTCGGCTCACTGCAAGCTCCGCCTCCTGGGTTACGC
 10 CATTCTCCTGCCTCAGCCTTCCGAGTAGCTGGGACTACAGGCGCCTGCCACCACGCCCCGACT
 ATTTTTTGTATTTTAGTAGAGATGGGGTTTACCGTGTTAGCCAGGATGATCTCGATCTCC
 TGACCTCGTGATCCACCCGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGGGATTACAGGCGTGAGCCACC
 GCGCCAGCTACTTATTTATATTTTAAAGAGACAGGGTCTCGCTCAGTGTGCCAGCTGG
 AGTGACAGTAGGGTGATCTGTAGGAAAGGGGCTTCCAGGCCTTAACATGTACTCCCCAT
 15 AACCAGGTTGGGAGGTTAGCTCACTGTAACCTCAAACCTCTGTGCTCAAGGTACCCTACTA
 GCCCCTAGGAGAGCAGCTGGGACTACAGGTATGCGCCACCATGCCAGGCTTAATTTTTACT
 TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGTAGAGACGGGGTCTCACTATATTGCCAGGCTGGTCTTG
 AACTCCTGGTCTCAAGCGATCCTCCTGCCTTAGCCTCCCAAAGTATTGGTATCACTGCAACT
 AGCCCCAAGAATTAATATAGCTATGTTCCATGTGATATTTGGGACATACTTTTCTAAAAGGT
 20 TGTATCTTTGGATATAATTGTTTATCTGAAATTCAAATTTAACTAGACATTGTATATTTAT
 ACGGCAACCACACCTGGGACAATCAAGACATTCCCTGAAGTTACCAGGAGACAATGCCC
 ATCAGCCTACACTTTTCCAAGCCACGTACACAAGGCCCTTCCAGAGTATTCCAGACGTC
 AGGTAGGGCCATCCCTTGGTTCACAAGTCCCACTCCTACCACGCCTATGGCAGCCAACTG
 AAAGGCAAAACAGTGCTGGAGACCCCAATGCCCTGGGCCTATAGCAGTCAATTCCCAA
 25 GATGCCCCCGGTGAACACAATAGGCACCCGTCCAATGCTCGAGCAAAGAGACGAGGCA
 AAACCTTCCACTACGGGACAATAACGGCCAGTTCCCAATTCGTTGTGGCAGTTCTTCCCA
 GGATGCCTTAGGCCTATAGCGACCACCTTCCAGACTCCCCGTGTGGAAGCGCTCCAAGCC
 TCCAGGACGGTCAGCGGCAGGTGTGGGATAAAAGGAACCGGTCTCGACAAGGATCTGGGA
 CACTCTTTCCAGGATGCACCAGGCCTACGACTAGCGGACCGACTCCACAGCGCTTCAAG
 30 GCGGAGCGCTCGGTTCTCCAGGATGCCCCAGGGCGGCACAAACGCGTAGGGGGAGAAAA
 AGAAGCCCTCGGGTACACACGGCCCCAGACCGCCGGCTCCCCGGTGACGGGAGTCGTGCT
 CCCATCATGCAGCGGGGCCGTAGCGCCCCGCTTCCCGGCATGCCTCGCGCACCCCTGCCCGG
 GACACTACCGGCGCGCGGGCCCCCGCTCCGGCTCTGCGGCGGGCGGCTGCACGCCAGCC
 TCTGCGCCTGCGTCGCAAGTAGGGTAGGACAGCGCGCAGGGGGCGTGAAGAGCCTAGGGC
 35 GCTTGCGCGGCGAGACGGACTAGTCTGTAGCGCTGTGGGAAGAGGGGCTATGCGCGTGG
 GCCGTGACGAGACCCGCGCGGGGGGCGCGGTGCTTTGCCCTCGCTGCCTGGGTTTACTT
 GGTACAGCCCCGCGCCCAAAGGAACAAGAGCTGAAGGGTTGCGCGCTGCGTGTGCGGG
 CAGGAACGCGCCTTACAAAACCTGGGATGCGCTGGGGGTGGAGGGCGCTAGTTCGGACTGG
 ATCCTGGGCCCCGAGGCCTGCTTATTTGCATAATCCTAGCGCGGGACAATGAAAGGCCTCCC
 40 GCACTGGAAGGAGTGATTTGCATATTTCCCGGAGGGGCTTACTCCAGAGCGCAGTGATTA
 GCATATGGCGGGGGCAACCTGAGCAAAGCGCATGCGCGCAGGGACTGCAGACTGACGCGA
 AGTGGGTAGCCTTGTCTTCGTAGGGGATCAGTTTGCATC
 CTGAGAGAGGGCACGAGGGCCAGGACCCCTCCCAACCAGGATAAAGGTTTATTGATCTCCT
 AGGTGTCAGGCCCCATGCTGGCGGATTCTGTGGTTTCTGCAGTGAACCATACTCCTGTACTC
 45 ACGGCACCCAGTCGAAGGAGATACGCACCTAATTAGACAACCTACTACCCAGAAGGTCAG
 ACCTGGAGTGAGGAACACAGGGGGCTGTGGGAGCCTAAGAGGCGCTTGCCCCGGCCTCTG
 GTTCTAGAAAGACTTCCAGGAGGTGGTGATCCTTAAGCCAAGTACGAATAGGAGCCAACTA
 GAATGGGAATGGGTCTGGCAGAATGAACTGCAAGCGCCAAGGCCAGAGGCCAAAAAAA
 AAAAAAATAAGAGCGCATGTTTATTGAGGAAGCAAGAGCAGCTTAGTATGCCCTA
 50 GAACCTAAGTGGAGACGGGAAATGGTCTATAGACGATGTTAGAGTTCAACTATGGCTACA
 TTCCAGTCTTCTGTAAAGTGACTTTGTACATTCTGGCTTAAAACTCCCCCAAAGGGATCCC
 ATTAGGAAAAAATAAATCCAAAAATCTTTATCATGGCCTCAGGGCTATACACCTGGTCT
 GGCCGTGCTTATCTTTCTGACCCACCTACTTCTCCTCCCTCCATTTCTGTCCAGCTCCACC
 TTACCCCAAACCTCTTACCAGCTCGGGCCTCTGCTCTTGCCGTTCCCTCCGCCTGAAAATGC

TTTCCCTCTGACCTTTGAATACCTACTCTTGTGCTACCACTTCATATCTTGGTACAGATGTC
AATCTGAGAGGCTTTTCTGATCTCTCCATAATAGCACTTACACATTTGACTGGAGTTATGG
ATAAATCGGGATTGGCCATGAGTTGGTGGTGGTTGTAACCTGGCATGAAGAGTACATGGGGC
TGGGCGCGGTGGCTCACGCCCCTAATCCCAGCACTTTGGGAGGCCGAGGCTGGTGTATCAC
5 CTGAGGTCAGGAGCTTGAGACCAGCCTGGGCAACATGGTGAAACCCTGCCTCTATTA
TACAAAAATTAGCCAGGGGTTATGGGGGGTGCCTGTAATCCTTGCTACTTTGGGAGGCTGAG
GCACGAAGATCACTTGAACCCTGGAGGCAGAGGTTGCA.TTGAGTCGAGATTGAGCCACTGC
ACTCCAGCCTGGGCCACCCAGCGAGACTCTGGGTCTCGCCTGTAATCCCAGCACTTTGGGA
GGCCGAGGCGGGCGGATACAGTCAGAAGATCGAGACCATCCTGGCCATCCTAGACCAATTC
10 TACTAAAAATACAAAAA
TGTCCCACTACTCTGGGAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCGTGAACACGGGAGGCGGAGCTTG
CAGTGATCCGAGATGGCGCTACTGCACTCCAGCCTGGGCGACAGAGCGAGACTTGGTCTCA
AAAAAAGAGTACATGGGACGTTATTGTCTGTCTACTCCTGTGGGTTTGAAGTTTCCATA
ATGACAATGGCATAACCACATCACCATACTCTGCATTTATATTAATAGTTCTTATCA
15 GAACCTTTCTTTGCTTCCTTGTTTTGAGTGTTTTCTCATGAAAGCTTCATGAGGGTAAGAAT
GGAGTCGCCCTTTTTCACTTTGGGTTCTCAATGCTTAGAGCAGGATCAGATTTAGATTAGT
GTAGCGCTGTCTTTAACACTTAACATTTGCCTGTTTTATTCACCATGGACTCTAGAACTTTG
AGCAGCACCTGGCACATCGTAAGAGGTTATTTTTAAAGTTAGAATAATACATCTAAAATG
TACATGAATGAATGAGAGGCCTGGGATGCCAGACTAAAAGAGCTTTGACTTGGTCTAAAGGT
20 GATGGGGAGCTAGGCAAAGGTTTTGAGAGTTTAACTTTAATTCAAAGTTCCCTTGGAGACT
AATGTCTGGGGTAGGGGGAAGCCAGGGTAAGGGTCCGGGCCATGGAATGGGGTAGCTCAG
TCGCTATCAAAAAGACAAGACTGTGACTATTTGGCTGAAGAAATGGCCAAACCCAGGTTTC
TGGGAGGTCGAGGTACCTCAGTGAGGTCAGGACCTTCTCGCCTATACTGTCCACCA
GCAACCATCACACTCCTCCCTCCCTCTCCTTAGTTCCTCCCAATGGTACAGCCCTTGA
25 CAGCAGGACAGACACACAGCCACCCCAAACACTTGTCTCTCCTCAGTTTAAATGGTGGTTA
GTGAGATTGCCAAACCCCTCCCATTCCTCCCTCCCAACCCCGTACAAAATGTGTGTGTGGTT
TTTTGTTTTTTGTTTTTTGTTTTTTAACAAGAAAAAGGGGGCAAAGCCAGGAATGGGGAGA
GGGGGGTGCAATCTGATATTTTCATACAGACTTTTGATTTTTTAATATATTATATAAAAC
CATGAAGACCACGAATCCTCCCCAACTCCTTTCCCCCTCCCCGGGGGGCCTGGAGGAGAG
30 ATGGGGAAGGCCCCCCCAGGAGTGGGTGGACAGAGAGACAAATATGGATGGGACAGACGT
TGGGGGAGAAGGTAGAGAGAAGGGGAGGCCAGGAACCTGGGGAAGGGGGATTGGAGAAA
AGGGTTGGGGCTGTCTCCCTCACTGCCCCCATCAAAGTTATGACACAAAGACACAGAATCC
CTATTTCCACGCCCTCCCCCACCCATCCCCCACCGTGCAAACATGGCTTTGCAAAGAAGT
GCCCAGAGCTCTGTGGAACCTTTACAATGGCTGGCATGGGGTCTAGGACCCCCAAAGAAAT
35 CTGTGTTCCCTTCCCTGCCCCCCCCACCTTCCCAGAAACTGACCCCCCTCCCCACAAGACC
TGGTTTTGTAGCCTAGGGGGCCTGGCCTTCCCCAGTTATCTTCCCCAACCCCAATCCCTAC
TGCCCTCACTGGACTTGGGGGTCTGGACCTTTGGCCCTGCCCCCTGGGGAGCCCAACC
TCTGGGCCCTCACTTCTGGCCCTTACAGAGATCCAGGCATCCAAACACCCCATCCCTGCCCA
AGCGTCTGAGGTGTTAGTGGTGGGGGGAGAAGCCACCATCCCAGACTCTGGTAAATGTCT
40 TTGCTGGTTCTTGCAGCTGGCAGTGGGGGGGACCCAGCCAGGCCAGGCCTAGGCCTG
GGGTGGGGATAGGGTCAGATGAAGAATTCCTCTTCTCTTGTGTCCGTCGCTGCCATTGAG
GAAGGCTTCTCTTGCTTCTCCCTGTTTATCCAAGCCACTGGCTTCGTGGGTGAGATAGGAAC
CTGAGGGGGTGACAGACCCCCGGGGCAGGGGGGACATATTTGTGGATCCAGGAGTTGGAC
AGAAGTATAAGGGAAGAGGGAGACAGACAAGACACATGCCAGGCGAAGGAAGAGGGAGA
45 AACGGAACACACAGGGAGAGGCAGAGAAAGAGGTAAACAGTGGCAGAGAAAGAGGTAAA
AGCAGAATTAGGAAGACTCCAAAAGCTCACCGAAAGTGCCACCCTTATCCTTTCTCTTGGA
GGTATTTCTTTGCCCTGCTCCAGCGAATTCAGCAATTAGGAAAATAAATTGTTTTATTCAA
ATCCATGCTCTTTTTTTCCCTAATTTTTTGTATTTTTAGTAGAAAAGGGGCTGCGCCATGGT
GCCAGGCTGGTCTCGACCTCCTAGCTTCTCAAGTGCTT
50 TATCCGCTTTGGCCTCCCAACGTGCTGGGATTACAGCGCTGAGCCACCGCGCCCAACCGCA
AATCTATGCTTTTAATTACAGCTTCTAAATTTACTACCCCTTTTCGAGTATTGTGCCGAAAGCCC
CGCCCCCTTTGTCATCTCCGCCCCCGGTGCGCGGGATTGGAATCCAGAGCCTAGGCTCCG
CCCTCTCGTTACCTGGCTCTAGGCCCCGCTCTTTCCGAGCCCTACAACCAACCAACCGTA
GAGTCCAGGCCCGCTCCCACTCACCTTCTGCGGTACCGAGCACCAGACCATGCCCACTAG

CACACATATGATCAGAAACACCAGCAGCGCCAGGATGCCGCCACAATGGCATAGGGAAC
CGACGTCTGAGCCTCTACCACCGCACCAGGGTCTGCCAGAGGGACACGGCACAGGACCAG
GTCATCAGAGGACGATCCCAGTCTGGCCCCATCGCTGCCAAGCTTTTAAGCCATTCTGCAC
ACGTCTAACCCTGCCCTTTTATGTGCCACACCCCTCAAAAATTACTGCCACCTTGTAGTCTC
5 TTCTCTTTCCAGATGCTTGTGGTTTGTACACTGCCCGACCCCTCCCCTGAGTCATGTTACAT
TTTCCTTTTCTTTTCTTGTCTTTTGCAGAGACGGGGGTCTCACTATGTGGCCCAGGCTG
ATCTTAAACTCCTGGGCTCAAGCGATCCTCCGGCCTAGGCCTCCCAAAGTACTGGGATTAG
AGGCGTGAGCGACCGCACCCAGCCATCCCTTTTCTTTGACTCAAGTTTCTTCCCTCCACTAA
GAAACAGAGTCCAAGAAACAGGTCCAAGTCCCTTCCCACCTTGTCTAAAACGCTCCAAGTA
10 TTTAAAGTGCTGGGCCCAACTACCAAAATTTCTGCCCCACCGTCATAGAGCTAAACACAGA
ACAGCTGTGTGCTAGAGCCCATTTCCAACCACCTTACATATTTAGTTCACATAATCTTCACAA
CAGCCTTGTTATATAGGTGCTATTGTTTATTTCCACTTTACTGATGGGTAAACTGAGGCGCA
GACAGGTTTCGGTTACCTGCAATAGAATGCAGCCAACCCGAATTTGAGCCCCGCGGGCCAGT
CTGGTCCCAAAAACAAAAGAAGTCTGTTGGCTGCCGAACCCCTGAGTTATGTGGCCTCTTT
15 GCTCAAGCCCCCGCCCCGCGCACCTGGCGCCCCCGCCCCGCGCCTCAGTCGGCCGCGAGCCTGC
TCTCACCGTAGACCACAAGTACGTAGAGCGCCCTCGCATGGCCGTGCTTATTGGACGCCTC
GCAAGTGTAGGTGCCGTTATCCGCGGATACCAGACCCGGCAGCGTGAGCGTCTCTCCACG
GCCTCCGCCCTCTCCGGCAAAGACTCATTCCCGCGGTTCCAGCGGATCT
GGTTTGGCCTGGGTGGGGATAAAGTATAGTGAGAGTTAGGAACCGAGGTGCCAGCACCCA
20 ATTTCTGACTTGTCAAGAATCTAGACATGCAACTCTCATCCCGCAGGGACCTCCAAATAAGA
GGCTTCCTGCTATCTCTTTCTTTCTGGAAAACCAACAGTCCTGGGCCTACTTCCACCCATC
ACCAAGGTCTCAGGAATTCTAGCCCAGGCTGAACATGGTGGCTTATGCCTGCAATCCCAGC
ACTTTAGGAGGCTGAGACGGGAGGACTGCTTAAGGCCAGCAGTTCCAGACCAGCCTGGGCA
ACACAGGGAGACCCCGTCACTACAATTAATAATAATAATAATAATAATAATTCTAGC
25 CCTCCCACGCCATTCCATCCTCAGCAACCAGGAGTCTGAGGCTGCACAGCTTCAGTATTGG
GGAGTCTGAGCCTCCAGATTCTCCTCCCTCAGGATCCAGGAGTCCAGGTCCCAGATCCCT
ATTCGTCCAGGTCCCCAGCTCTCTCCTCCTCAGGACCCAGGAATCCAGGTCTAGCTCCCTG
TTTGTCAGGTCCCTCAGCTCTCTCCTCCTTAGGACCCAGGAGTCCAAGTCCCTGGTCCCTGT
TCTTCCAGGTCCCCAGCTTTCTCCTCCTGAGGACGCAGGAGGCCCCAGAGCTCACCTGGG
30 GTTCCCCGTGACAGCACACGTCAACACCAGCGTGTCTCCCTCCCTCACCACAGCTTGGGAG
GCATGAATCCGGGGCCGTGGGGGAGTCTGTTAGGCAAAAGTAAGAGGAGAGAGTAGTTTCC
AAGCCATCACGCAGGACAAGGGGGGACCCTCGCGGGTGCGGGTGGCTGGCGTTGGGATCCCT
TGGGTCTGCCCCGCGGTCACTTACACTGCACATCCAGCACGTACTGCGTCTGCTTGCTGT
GTCCGGAGGGCAGCGCCTGGTTCTGCGCCTCACAGATGATGATACCACCGTCTGCTTACG
35 GTCCACACGAAACCGTACTGTGCTTGCCACGCTCCAGACCTTGCCATTTTCTGGCTGCTGC
TCACTCCTGCCACACCCCGGTGACACTGTGAGGCCACAATTCCGGCTCCATCCACCCACC
CACCCGAGCCAACGCCAAAGCAGGCTATTTGCCAAGCTCCACCCCTTACCCACAGGCCCCG
CCTCTTGTCTCCAAAGCTACGCCCCCTCCCTAACCAAGCCCACGTGCCTCCTCCCAAAGCTC
TTCCCTCTTTCAGCTCATGCTTCTCGTCTATCAATCCATTAAATTGCTATATATATAAAAA
40 CATAAATTTATATATATACTTAGAGACAGGGTCTCACAATGTTGGGCAGGTTGAACCTCTG
ACCTCAAGCAATCCTCCCATCTCAGCCTCCCAAAGTGCTAGGACTACAGGC
GTGAGCCACCGCGCTCGACATCAACCACTACATATTGAATGTCCAGTGTCTGTGAAAACCT
GTGGCTCCTCTCCACATATAAACAACCTCTCCTAAGTCCCACCTCCTCCCCATCCCTTGTC
GCACTCGGCCCAGGGTACCTTTAGCTCCTTGCGGTCCCGGTACCAGCGCAGGGTGGCAGC
45 CGGACGGGACCGGGAACGAGGCAGCTGAGCTCCACCTCGCCGCCCTTACCGCCTGCTCC
CGGACCTCCACCACAGGATTCTCTGGGGCCACTGCCGCAGGGAGAAAGGGAAGTAAGGGGT
TAAAGAAGGCACGAACGTGGGCTCAAAGCGATCGAGCTGCCTGTTCCAGCGACCATAGG
GAACCAGGGTCCCAGGTGGCAGGGGTCAAAGGGGAGAGGTGAGGAGCCAGATGCCCATCC
AGGATGTTAAAAATAGCCATGGTCTGAAAGTCTCAGGAGAAAGAGAGAAGCAGAGAAGAAA
50 GGAGGAGAGGATGCGTCTGACAAGGGGGAGGGCGTTACCTAGTACCGTGAGCGTGGCAAT
CTGGTGGTGGGTGTCTTCTGTGTAGAGCTGGCAGAAATAGCCCCCTCGTCTCCAGGCGG
GCATCTGAGAGCCGGATCCGCACCCGGCGTGGGGAGAAGTCTCAAGCTGGAACGCTCAT
CCTTCAAGGCTAGAGAGAGTGAGGGGGAAGGTGTGAATTTGCGGAGTCTGGCCTCACAA
TCCCACCTTCCGACAGGAGCTTAGAGTCCAGCCCTCTGCCTCTTTTCTCCAGCCATATCTA

TGAGTCTGAGGTGTCCAACCTATTTACTCCCTTGAGGACCCAGCATTATTCAAGTCCTCCTGC
 CTGCAGGACCAGCAGTCCGGGACCCAGCCCTTTCTTCTCCGAGACCCAGGAGACCAAACCT
 CTCAGGTGTGTCTCTTTTCAGGACATGGGAGCCTGGGCCCCAGCCCTCTCTTCTTTAAGAC
 TCCTGAGTCTGGTCCCCAGCACTCACCACGGGTGCCATTGAAGAAGAGGGTCTGCCGGGCT
 5 GGGTTCTGGATGACAACCTATGGACCCATCATACTGGTGCAGACGGCAGGTGATCTCAGCCA
 CCCCACCTCAGCCACTGTCACGTTCTCTGTCTGTACTTCTGTCTGCCCTGGACGATTA
 GACAAAGAGACAGGATAGAAGACTTACTGAGAGCTGCAATTCAATTTTTTCTTTCTCCCTCT
 TCCCCATCCAAACCTCCAATCCCTCTCTTTCCCTCATTCAATCCATTGCACTGAACATTTCC
 TGCAGGCTAGAGTCCAGGACAGGGAGGAAATCTGCTCCCTACTCTAAAAGAGCTGCAGTCA
 10 AGATTTAGTAGAATATGCTCTAATGAGGGCAGCACAGGGCACACTAGGAGCCCAGAGCAA
 GGGAGGACTATTATAGAATTGCCTAGAGAGATGGGTAGCCAGAGAGGGCTCTGCAAGAAA
 GCTCCATTGGATCTGGATCTTAAAGAGTAAGCAGGAGGCTGAGCGCGGTGGCTCATGCCTG
 TAATCCAGCACTTTGAGAGGCCGAGGTGGGCGGATCGCAAGGTCAAGAGATAGAGACCA
 TCCTGGCCAACATGGTGAAACCTGTCACTACTAAAAATACAAAAAAAAAAAAAAAAAATTA
 15 GCTGGGTGTGGTGGTGGCAGCTGTAGTCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGCAGGGGAATC
 GCTTGAACCCGGGAGTTGGAAGTTGCAGTGAGCCGAGATGGAGCCACTGCACTCCAGGCTG
 GCGACAGAGCGAGACTCTGTCTCAAAAAAAAAAAGAAAGAAAAAAAAAGAGTAAGCAGG
 AGTTCACAAGGTGTGGGAGACTGCTGTGTGTTACCAAGCCTCATCTTTCACACCTGGGCA
 CATGTTGTAGCCCGTTTGCAAAGATAGCCGTAATATTCTCTGTCCCTGGACATGCCCTTTG
 20 CAAGTTGATTTTGCCATTCTCTCCATTGAGAAGGCCTTTGTCCCTACTAGTCTGGGTAAG
 CCTGAGAGTTGCTTTGACCAATAGAATTTGCTAGAAGTGATATTGAGCCTAGGCCTGAAG
 AGGCCTTGAGCTTCCACTCCTGCCCTAAGACTGTTGCATGAAGATACCCAGACTAGTGTCT
 TTGCAGATGAACAATCATGGTGAAAGAGAAGCCAGCCGGCAGCCAGCACCAATCGCCAG
 CTGTGTGAGTGTGGCCATCCTGGATCATCCAGCCCCAGCTGCCCCACCAGCTGACAGCAGC
 25 CACACAAGTGACCCCAAGTTGAGACCAATAAAAGATCTGCCCATCTGATACAGCCCAAACCTG
 CTGAACCCAGAAATCATGAACAAATAAGGTGGTGGTTGTTTAAGCTCCTAAGTTGTGGGT
 GATCTGTTCTACTGCTAAAGTTAACTGATACAATAACATAATTAGGCTATACTTCCCAGCATC
 CTTTATAGTTAGGTGGGGCCATGTGACCAATTCTGGCCAATGGGATGTAGGTGGAAGAGAA
 ACACCTCTTGACGCTGAC
 30 CCATCTCCCTCATAATCCTTCACACTGGCTGAACAGAGAGGACTCCAAGGAGCCTAGAGGA
 GGGCAGAATCACAAGCCAGAAGGAACCTGGGTCTCTAACTGACTGTCCCCCATGACCCGCC
 TGTATAGGACTGTGATATGAGCAAGAAATATACCTTTTTGTTAAGCCATTGAGATTTCAGG
 GGTGTCTGTTACAGCCTTTAACCTACCCTGATTAATCCATCAGAAAAACAAGGTGGGGAAT
 CTAGAACCATCAGAGAAAAGCATTTAGGAAAGCTGAAAGCCAAGACTAATCATCAGCATT
 35 AATATCATCATCTGTTGTCTTCAAAATAACAATAACCCCCATAGCTACCAATTATTAGGTAC
 TTGCAGTGTTAGTCCCTGTGCTAAGGGCATTACCCATATAACTTACCTTTAATCCTCACAA
 CCCTGTGTAAGGTAGACATGATTATTATCATTATTATTATTATTTTGGGACAGAGTATTGCT
 CTGTTGCCAGGCTGGAGTGCAGTGGTGTGATCTCAGCTCATTGAAACCTCCACCTCCCAA
 GTTCAAGCGATTCTTCAGCCTCAGCCTCCCAAGTAGCTGGAATTACAGGCATGCACCACCA
 40 TGCCGGGCTAATTTTTATTTTTAGTAGAGACAGAGTTTAGCCATATTGGCCTGGCTGGTCTC
 GAACTCCTGGCCTCAAGTGATCCGCCTGCCTCAGCCTCCCAAAGTCCAGGGATTACAGGTG
 CGACCCACCGCGCCTGGCCAATTATTATTATTATTTTAATTTGAGACAAGGTCAGGCTGGA
 GTGCAGTGGCAGATCTCAGCTCACTGCAATGTCTGCCTCCCAGGCTCGAGTGATCCACCT
 CAGCCTCCCCAGTAGCTGGAACCTACAGGTGCACAACATCACACCTGGCTAACTTTTGTATTT
 45 TTTTAGAGACGGAGTTTACCGTGTGGCCAGGCTGGTCTTGAACCTTGGGAGCTCAAGTGA
 ACTGCCTGCTTCGGCCTCCCAAAGTGCTGGGATTACAGGCATGAGCCACTGTGCCCGGCT
 GCGCTATTATTATCCCCATTTTGGCCGGCCTGCGCTACTATTATCCCCATTTTCCCCCATTTT
 CATTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTT
 TAGAGTGCAGTGGTACGATCTCGGCTCACTGCAACCTCCACTTCCCGGGTTCAAGCAATTCT
 50 CCTGCCTCAGCCTCCCAAGTAGCTGGGATTATAGGCACCTGCCACTGCACTTGGCTAATCTT
 TGTGTTTTTAGTAAAGACGGGGTCTCACCATCTTGGCCAGGCTGGTCTGGAACCTCCTGACCT
 CGTGATCCACCCGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGGGATTACAGGCTTGAGCTATCGTGTCTCT
 GCTCCCATTTCCATTTTATAGGTGAGAAAATTGGCCACAGAGATGAAATGACTTGCCCAA
 GTTCACAGCCAAGAGTGGCAGTGCCAAAATCTTCGTCCAAATCTCTGATTCTGTATCCTGAA

TCTGTATATCCACTCCTGGCTGTCTGGATTAAGTGTCCATCATTGGCAGGGGGTTGTGAGAG
 CCGCTTGTGATGGGCCTCGAATGCCAACCTAGGAGATTTGCTTTCATCCTAAGGGCCAGTG
 AAGGTTTTGAAGCAGGAATATGCCATGATTAGATCTGGCTATTTGTCTTTAAGTGCTGGATA
 ACTATCCATGTCTTTTACATTCAGGTGCTGGGTGTCATTTCATTTCAGGAGTATTTCCCTGAGCA
 5 TCACGTAGGTTTTAGGGGCTGAGTAGTCAGAGATGAGTTAGATGAGGTCCCTGCCCTTTA
 AGATTTATGGGAAGGTAGGAACCAATCACGGTAATCAAAAAGTGTTATGTGGCTGGGCACGG
 TGGCTCACACCTGTAATCCCAGCACTTTGGGAGGCGGAGGTGGGCGGATCACAAGGTCAGG
 AGTTCGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAAACCCCGTCTGTACTAAAAATACAAAAATTA
 GCCAGGTGTGGTGGTGGGTGCTTGTAAATCCAGCTACTCAGGAGGCTGAGGCATAAGAATC
 10 GCTTGAACCTGGGAGGCAGAGGTTGCAGTGAGCCAAGATCGCGCCACTGCAGTCCAGCCTG
 GGTGACAGAGCAAGACTCCGTTTCAAAAAAGAAAAAAGAAATAAATAAAAGAAA
 GTGTTATGTTTTCTGTAAGAGGGTAGGTAACCTAATTTGGAAGTTGAGGGGTAGAAAAGAT
 TATTTCTGGGGGATGGAGACAGAGACTTCTGGCTTCTTCTGACATCCATTTTCCCTTT
 CTCCTCAGTAAAAGAAAAGAACACTGGTTGTATTTTATGGTTGCACTATGTCCAGCAGAAA
 15 AAGGCATTCTCAGTCTCCTTGCAGCAAGGTAAAGCCATCTGATAAAATTTGTCCAGTTGG
 ATATAAGCCAAAATGTTGCGTGACAATTTTGGGAGGACTTCTGAAACAGGTGGACAAACC
 CTTTTTCTACTGAGTCACCTTTGTGCCACCTGGAACATAACAGTGTGACGCGTGGAATTTAGG
 CAGCCATATTGAACCATGAGGACAAGAGCAGTGGGGATGGCGGAACCAAGAGCTGGAAGG
 TGCCTGAGTCTCTGGTGAAGATGTGGAGCTGCTGTAACAGCCCTCAACTCCTAGTTCTGGAC
 20 TTCTTTTATGTTTTAGTGTAACGCTTTGGGTATTTTTATTTTTTAAATTTATTTTAGAGATGA
 GGTCTCACTATGTTGCCTAGGCTGGACTCAAACCTCTTATGCTCAAGCAGTCCCTGCCTCA
 GCTTCATGAGTAGCTGAAACTATAGCACTTTGGGTATTTAGCCACTGTTTGAGGTTTTTCT
 AGCACCTCCTGGAATATCAAGCTTAACATGTCCAATCCTTGCCCCAGATATTTTCTCCCCA
 AATTTTCTCAATCTCAATAAATGTCAACCACCATCCACCTGGTTGCTCAGGTCAAAAACCTAG
 25 AAATCATTCAAGTTCTCTCCCTTTCCCTCATCCCCAATATCCATTCCATCAGCAACATCTGT
 CCATTCTACCTCCAAGACATATCCCAGTCTCATCACTTTGTCTGCCTCTCCTACCTCCTACT
 CTCATCCAGCATCATCCCTCACCTGGACTCTGCAAAAGCCCTACTCGTGGGTCTGTCTGCATC
 CCTGTCTGCCTCCTCCAGGGCCATTCTCCACCCAGTGGCCGGATCGATTTTTTCAAAGAGGTA
 AATCAGATCAATTCACCTTTCTGCTTAAAACCCCTCCGAGGGCTGCCCGTAACATGTAGAAT
 30 AAAATAGAGACCCCTTCCCGGGGACTTCAAGGTGCTATATGGCCTGGCCCCCTTGCTGACCT
 TACTTCACTCTGGGCTCGCTAGCCTTGCTGTCCCTCAAACATGCTGAGCTCGCTCCCACCAC
 AGGGCCTTTTCCCTTTTCTTCTTCTGCTGGAATGTTCTTCTCCCCACCTCCCAAGCCCCAT
 CTTCCCAGGGCTGACTCCTGTTCCCATTTGGGTCTCAAATCATATCAGTACCTTCTCAGAGA
 GGCCTTCCCTCACTGCTCATCCCTTCACTTTAGAACACTTTCTTTTCTTTTAAAGAGACAAA
 35 GTCAGCCCAGTGCGGTGGCTCACGCCTGTAATACCAGCACTTTTGAGAGGCCAAGGCGGGC
 AGATCACCTCAGGTCAGGAGTTCAAGACCAGCCTGGCCAACGTGGCGAAACCCCGTCTCTA
 CTAAAAAAATACAAAAATTAGCTAGGCAGTGGTAGCCCGGGCTACTCAGGAGGCTGAGGC
 AGAATTGCTTGAACCCAGGAGGCAGAGGTTGCAGTGAGCCGAGATTGAGCCACTGCACCCC
 AACCTGGGTGACAGAGAGAGACTCTGTCTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGACAGGGT
 40 ATTGCTCTGTACCCAGGCTGGAGTGCAAGTGGTGCAATCATGGCTCACTGCAGCCTCGAAC
 TCCTGGGCTCAAGCCATCCTCCCACCTCAGCCTCCTAAGTAGCTGAGATTATAGGCTCCTCC
 CACCACACCTGGCTAATTTTTGTGCTTTTTGTGGAGACACAGATTCTCCATGTTGCCACAGC
 TGGTCTCCAACCTCCTGGGGTCAAAGGATCCTCCTGCCTCGGCTTCCCAAAGTGCTGGGATTA
 CAGGCGTGAGCCACTGCGCCTGGCCCAAGAACACTTGCTATTTCTCACCATTGCTTTATTTCT
 45 TTCTATGAAGATTTCACTGGAA
 TTATCAGATTAATTTGCTTATTTGTTTTACTGTCTGTTTGTACCCCATGACTGGAATGTATACT
 CTAGGAAGGCAGGGATATAATCCAATGGGTTTACTGCTGCACCCCTAGTACCCAGAAGAGT
 GCTTGGCACCTGATAAGTGTCTGGGGAACCTTGCTACATGAATTACATGTGTGAGATGGGAT
 ATCTGTTCTGCTTTTCTTCTCTTTTTTCTTTCTCTCTCTCTCTTTCTTTCTTTCTTTCTT
 50 TCTTTTTTCTTTTTTTGAGATAAGGTCTCGCTCTGTCAACCCAGGCTAGAGTGCAGTGGTGCA
 ATCATGGCTCACTGCAACCTTGAACATGTGGGCTCAAGCGATCCTCCACCTCAGGCTACC
 AAATAGCTAAGACTACAGAGGTGCGTAGCTATGCCAGCTAATTAATAAAAAAAAAAATTTT
 TTTTTTTTTTATAGAGATGGGGGTCTCAATATCTTGCCAGGTTGGTCTTGAACCTCCTAGGCT
 CAAGCAATCCCCCTGCCTTGGCCTCCCAAAGTGCTGGGATTATAGGCATGAGCCATTGCAG

CTGGCCCAGACAGAATCTCATTTCAGCCCGACAACCTTTGTGACATCATTATTTTCATCTTAA
 ACACCTAGGTTGATCCCAGCTCAACCACTTGCCATCTGTGTGACCTGTGGGCAAGTGACCTT
 ACCTTTCGGAGCCTCAGTTGCCCATCTATAAAATGGGAATGATGCCAGTGCCTGCCTCATA
 AGGATGAGCCCCGCTCCTGAAGCTCAGGGAGCCCTCTCTGCAAGGCTGTTTTAGTGCAACC
 5 TCCGGAAACATGCCCATGCATGTGAAAACCTGGCATGCACATTCTGGTGCTTTTAAAAACAT
 CTCGAAGCCTATCCACAGATCCTGGACCTCAAGACTGGTTCAGTGCTAGCCCCCATTTTAC
 AGATGTGGAGAATGAGGCTTAGCGGGTCCCAGGCAAGTCAGTGGCAAACTCACCATCTCC
 TGGGAGCCATCAGGTTCTCTGGATCTGCCCCACCAAATTTATCCCCTGCTCTCTGCTTGA
 GGGTGCACATGGGGTGAGGGTGGGGGTCTTTTGTTTTACTCCCTCCCCCTCCTGAGGAGTCA
 10 GTAACCAACAGTGTCTGTGCCTGGAATATTAATGTCTCAGCAGCTTTTGTGTTGGGGGGTGG
 GGGTGGTGGGGGCGGGACTTTCTGGTCAGAGAGGGGCTGAGCTTTGGGGACTGAGGCACTG
 GCCCTTTAACTGTGTTGACAGCCAGGAGTCGTATGGGGATGGTGCTTGGAAAAGGGGAC
 AGGGAGGGTTTGGGAAAGAGTGGCGGAGCAGGTAATGCGTAAGACCCAGGAATCCAGCCC
 CCAACTACCTCCTCTCCCAGGACCCAGGAGTCTAGGCTCCCAGC
 15 CCCTCCTCCATCAGGTTCCAGGAGTCTGGAACCCCGGCTTCTTTCCGCCTTAGACCCAGGAA
 TTCAGCCCCCAACCACCTCCTCTCTCAGGTTCCCGAAATCCAGACCCCTAGCCCCCTTCTCG
 ATCAGGACCCAGGAGTCTGGGCTGTGAGCAGCCCCCTTCTTCAAACCTAGGAGTCAGAGCC
 CCCAGCCCTCTCCTAGCTTAGACACAGGAGTCTGGGCCTCCAGCCCCCTCCTCCTTCAGGAC
 CCAGGAGCCAGGGGTCCAGAGTACACAGCTGGTGGATGTTTCCACGGAGACTAAGCAGGG
 20 TGGGGGGAGCGCTTCTGGGTCTGAGTCAGCGAATACCCAAGGGAGTCTCAAGGTCATAG
 TTCCGGGAAGGTCACCACCACCCCTCTGTATCCGCTCCCCAGGGGGCTCCTGGCATCCTGC
 CTCCTTCCCCCTTCTCCTTAGGGAGGTGGTACATCCCTGCGTCTGACTGAACCCCCCTC
 AGCCCCCATCAATGGCGGAGTCCGAACATCCTCGCACAAAGCGTCAATTCTTCCCCAGCT
 CAGCCTTGTAAGGCGCCTGTATTCCGAGGACCTAGGCGTCAGGGTCTCAGCCCCCTCCTCC
 25 CTCAGAAACCTGCAGTGGAATCCCCCGCCTCCAGCCCCCTCCTCCCTCAGGACCCAGGAGT
 CTGTATCCTCATCCCTTCTCCTCAAGACCTAGGAGTGTGGACTCCCAGCCCCCTTTTCTCT
 TCCGGACACAGGAGTTCCAGCCCTCGGCCCTCTCCTCTTAAACCCAGGGGTCTAAGACC
 CCAGCCTCCTCCTCCTCAAACCTCAGGAGTCTAAGATCCCAGGCCCCCTCCTCCTCAGACTC
 AGGAGTCTAAGATCCCAGGCCCCCTCCTCCTCAGACTCAGGAGTCTAAGACCCAGGCCCC
 30 AGACCCAGCCCCCTCCTCCTCAGACTCAGGAGTCTAAGACCCAGCCCCCTCCTCCTCAG
 ACTCAGGAGTCTAAGACCCAGCCCCCTCCTCCTGGACCCAGGAGCCTAAGACCTCAGCC
 CCCTCCTCCTTGAGACCCAGGAGTCTAAGACCCTAGCTCCCTCCTCCTTTAGACCCATTAGT
 CCAGGCCCCCAGACCCTCCTCCATCAGACCCAGGAGTCCAGGCCCCCAGCCCCCTCCTCCAT
 35 CAGATCCAGCCCCCTCCTCCTGAAAACCTTTTGACTCTAACTCCCAGTCTCAACCCCTAG
 AAGCACAGTCTGCTTTCTCAATCCTCTGTCCCCTCCATCTGGGGACCTAGGCATCAGG
 TGGGGGCGTAGGGGTGAGTCAGCAACCTCACACACAAAGTCCCCGCTGTGGCCCCCACATT
 CCTGGGATATTGCGGACTCCCTGGATTCCAGGCCTCAGGCCAGCCAGGGAGTGGGG
 AGTCCCCCAGAGGTCTCCTGGGTGTGGGGTACGAGAGGAATTCCTGCTCCGGGAAGGGT
 40 GCAGGCCTGCACTGAGCTCCCTCTGTCCGAACCTCCACGCCAGTGCCCTCTATTACCCCC
 TCTTCCCAGAAGAGCCCAGGCTCAGCACCTGCCCCCTGCCCCACTGGGTGCCACGGAGGA
 GCCTGCGTGCCTGCTCCCTATGGGCCTGGGGTCTGCACAGGCGGAAATCAGTGGGTGCTTC
 CGTTCTGATGCCACAGGCCATTGGATGCTGGCGGGTCTGACTGTCTCCAGGCCACCCCCCA
 CCCCTCCCAGAGAGAGAAAGCTGCCTTTGTGTTCTCCAAGATGGGGACAGGCCAGGCTCGC
 45 ACGACATTAACCCAGCCTTAGGCCCCAGCCCTGCTGTGTCTAAGGTCTTGGAAATCCACTGC
 AGAACCTGACCCCCACCCCCAGGCTCTGGGACACAGGCGCCTGGCTCATGGGTGGGTGGG
 TGGGGGGCTATTCTCAAGAGTGGCTGGTCAGAATTTTAGCAGGAAAAAGTGAGTCACCC
 AGGGTCCCCCTATTCTCAAGAGTGGCTGGTCAGAATTTTAGCAGGAAAAAGTGAGTCACCC
 TGGGAAGGAAACATTATTTAGGGACCAACAACCTGCCCCCTCCACAAGACCCCTCAACTCCT
 50 AATAGCCTCTCTATTCTTTCTTTGTATTGGATATCTGTTTCTCTCCTCTTCTGTTCTACCC
 AGTTTCTGGCTGCGGGTCCCATTCTGCCTGGGTGCATCCCTGGGCAGGCAACCCATCCCTC
 CCTCTTGCTTTCTCTCCTCTGCCACCCCTGGATCCTTCTTTGGGCATAAATCTCATCTTCTC
 TGCTATGCTCAGAAGATGAATGAACCAGGAGAGAGAGAACATGTTTTTAAATGGCGCAA
 ATGCACCCCATCTCCCCGATTCTGCTGGCTGGGCAAGGTGAGAGAGGAAGAAGTGACTA

AGAGAGAAATGTGGGAACAACAGATACCCCCTAAAATGTGGTAGCCAAGGCCACTGAGAA
 ATATCCAATGGAAAGGAGAGCAGGAAGGGCCCTCCAAGACCACATGCTACAGCCTCCTACC
 CCATGCTTTACAGAACGGGAAAGTAAGGCCCAGAGAGGGGACAAGGACTGATGCAAAATTA
 TACTAAAGGGTCCTGGGTAAGGCTTGGACCCAAGTTCTTAGCTCCCAGCTGAGAGCTCTT
 5 CCCATGACACCAAGCTCAGTTTCTACTGGTAAAAGCCACATACTATTTACTTTAGAGAAAG
 TTTACAGAGAGGGTTAGGGTGCCAGGAAGCAGTGACTTGGAAATCAAACGAGGGGACAGGG
 CTGTAGACCTAACTCCCAGAAGCACCAGAGAAAGGCTTTTGCACGGGGCGGGTGGTCACCT
 TAAGCTATATTCTGATCCTGAGAATTCAAAGTCTGATGATTCTAAGCTGTCAGGATTCTAAA
 TGTACATAGATGTCAAGATCCAGGAACCTCAAGACATCAAGATTTACGATTTTTAAGACGT
 10 CAAGATGCTAGCATGCTAACACCATCACGGTTCTAGAACTTTAAAGGTGTCAAGATTCTAA
 AGCCTTCTGGATTCTAGAATCCTGTAGATGTCAGCATTCTAAAGTACCATCAGGTTCTTTAT
 TTAAGTGGATTCTAGTTCCAGGATTCTATGAGCCTGGTGTGTTAGCCTAAAAATAAAGATA
 AATTAATAATTGATGGAAATGTCACTGAGGTACCAAAGTTCTCATCTGGGAAATTGTGGCAT
 GTCTGTTGTAAAGAAAGGAGGTAATGATGCAAGTTCTAAAGCAGTCACAGAAGACTAGAG
 15 AAGAAAGAAAGACAGTGAGAGGACAGCTTTGCCCTCATCCTGGCCGAGGTGAGGATGGC
 TCTGCCTCAAACCCTGGAGTGGGGAACATGTAACCGCACTCAACTTGCCAGAAACCCCTTC
 ACGGTCTGAGCTGGCGTTCCCTTTCATGTCACTGAGTTCAACATCCTCACTTTACAGAAAGA
 GAAACAGAAGCCTGGAGAGAGGAAGGTGTTTACCATTGGCTGCGATGGCAAATGGCAAGA
 GCCAAGATTTAAGCCCAGGCCGCCAGCCCCATGCCACCTGGTTATAACTCCTCTACCAAT
 20 CTCTGCCGAACACCCAGCCCTCCTGCTTCTGCCTAGCCACCTTCCAATCCTCTGTTCTTCC
 AAAAGTGGCCTTATCCACCAGGGAGGGGTGACCCGTGGCAGGTTCAAGACTTACACAGTGT
 GAGAGTGTGTGTGGGTGACATTTCTGACCTTGTCCCCATTCTCAGGGTCACCCAACCTCGG
 GGGTCTCCAGCTTCTCACAGTGTGTGATGAGGGTATGTGGATGGCTCCCTGGATGTCTTGG
 ACAGGGGCTTCTCTGTGAGTCAAGCCTGGGTGTGTGAATGGGTGAGCAGGGTTTGGAGAGG
 25 CATTCGCTGAATCCACGTGTGTGCTACACGCCAAGGTCCCCATTCTCACTTCCCCACACA
 CATGCACACAGATGTTCCCTCCAGGGCTCTTTAGAAATGCCCTGCCTGACTGAATTCCTCTT
 CAGGGGCACAGAGGGATAGAGAGAGGGAGGAAGGTAGGATGGGAATGGGAGATCCCGGG
 ATGGAGGCTGTAAGCGTAGAGAGAGGAGGCACAGCAGAAAGACAGGGATGGAGATAGTGG
 GACAGAGAAGGGGGAAAGAGACAGGTGACAGAAAGGGTTAGAGAAACGAGTGACAGAAA
 30 GACAGGGGACAGAGACAAGGGGATGGGGCAGATAGGGGACAGAGAAAAAGGGACAGAAA
 AACAAGGGTGACAGCGAGACAGAGACAGGGACCAAGAATAGGGGCAGAGAGGGAGGGCA
 GAAATCCGGGGGAAAGAGAATAGACAGGATGATGGAGGGGACAGAGTGACCCAGGAAAA
 GGGGACAGAGACCAGGGGACAGAGGTAGGGGACAAAGACAGAATAGATGAGGAACACCG
 AGGCAAGAAGAGAGGGGAGACAGACAGAAGGAGGGACAGGACTTCGAGACTGAGGGATAG
 35 AGGACAAGGGTAGGGGGACGAGGAGCCAGACGGGGGGGTTTACAGAGACGGGCGGACAGAG
 GGACGCAGAGACTGGACAGAAGGACAGCGGGACCGGCCTGGGGAGGGCGGACTTGTGTGT
 GTAGGGGGGTCTCGGGCCCTTTGTCCCCGCCGGGATCCAGCCTGCGCGGGTGGGGGGGCTG
 CGGCACGGCGGGCCGGGCCCGCGCCCCCTCCCCGCTCGTCGCTCCCGGCTCCCGGCCCGC
 40 GCTGCGCTTTGTCCCGGGAGGGGGCCCGGCCCGGCCCGCGCGCATTTGTTCCGGCCTCTGC
 GGCCCCGAGGGCTGCCGGGCTGTCAACACAGCGCGCCCCCGCCCCAGCCCCGGCCGGCCGAC
 CCCGGCCCCCGACCTACCTGGCCCCGCGCGCGCCGCCACAGCAGCAGCGGGCCACTG
 GAAGCGCCGGGCCCCGCCATGGTGCCGCGCGCCCGCCGCGCCGCGCTCGTCCCCGGCCCCG
 GCACCTGCACCCGCCCGCGCCGCCCGCCCCCGCCCCCGCCCCCGCCCCCTGCCCGCCCGG
 45 GGCGGGGCGCCGAGGCCGGGGCGGGGCCGGGGAGGGGGAGAGCGGAGGAGAGGCC
 CGGAGACAATCGGGGGGACGGCACGGTGGGGGAACGGTGCGGGGTGCGAAAGCTGGAGAG
 GAGAGGGGTGAGGAGGGCGGGAAAGGGGTGCGCGGGAGGGCGACAGCGGCGTGGGAGCAG
 GTGGGGGATCTCGGTGAGCGCGGGAAATGGAGGGTGTGTTGGGTGAGGGTGCTGCGTGCGGG
 CCCAGGTGCTGCGCGCGAGGGTGCGGAGTTGCTGGCATGCAGGGTGCTTGCGCTGCGCGGA
 GGGGAGGGTGGCAGGGTGTGCTGGAGGCTGTGCGAGGGTGGGGGCGCGGGCGTCTGTTGG
 50 GTGCGGTGTGTGCGAAGGGAGAGCGTGCCAGCGTGACGGGGGAGCGTAAGGGAGGGAGT
 GCGACGTGGGAAAGGTGAGTGTGAGAGGCGTGCTGCGGGCAGGTGGGTGTCTGGAGTCTA
 GCGAGAGGCTGTGAGCTGAGCCACCGGGACAGGGGAGGCTGCAGCTGGAGGTCCGGAGGG
 TCCGGAGGTCGAGGCAGGTCAAGGATCTCCAGGGCAGGGCGAGGCTGGGGCTCAGGAGT
 GGGGTGGGGTCAGTTCCCTCCCTCCTCTCTCTCTGCTGACCTGAAAACCCCGTGTTCGG

CGTCATTCTCCGGGAGGGGCCCCCTGAAAGTGAACCTAACTGGAAGGAAGCCTGAATCCTGG
 GTCCCAGGAGGGAGAGGCTCCTGTGAACACCTTCCAAGCCCTGGCGTCCCCTCTCCTCCCT
 GCTGTCTCCCTGCCCCAGCCTCTCTCCCTCTCTCTGCATGTATTTGCCCTCTGCCCTTCCTCTC
 TCCCCATCTTTGAGGGTGACTCACCCCTCCAGACTTAGGTCCCTT
 5 CTCCCTCCTGGGAGTGGGTTTCCCTGAGCCACTTCTGTGACACCCTGTAGACCTGATGCGG
 GATCATTACCTATGGGACCCAGAAAGAGTGAGAAACCATGGAAAGAAGGCCTCGACCTCTC
 TCATGCCCATTGTGTCAGGCAAACCTGAGGTCCAGAAAGTGCCAATTATGAACATCTTTCTTCC
 CCCCTCCCCCTCCCCGCCAGACGGAGTCTCGCTCTGTTGCCAGGCTGGAGTGCAGTGGC
 ACGATCTCGACTCACTGCAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAGTGATTCTCCTGCCTCAGCCTC
 10 CCGAGTAGCTGAGATTACAGGCGCCCCGCCACCATGCCTAGCTAATTTTTATATTTTAGTAG
 AGACGGAGTTTTGCCATGCTGGCCAGGCTGGTCTTGAACCTCCTTACCTCAGGTGATCCATCT
 GTCTGGCCTCCCAAAGTGCTGGATTACAGGCGTGAGCCACCATGCCTGGCTGAAAATCCTT
 ACTTTTTATTCCGACTAAAAAATTTACATCCAGTCCCACAAGGGACTTCAGCTTCACACAC
 CCTTTCTGTCTCAGTACCCAGCTCCCAGTATCCTTTCTGACCTCAAAACCATAGCTACCAT
 15 CAACCTTGTGTCCCAGGACCATGGCTCCCAGTGTCTTCTGTCTCAGGGTCCAAGCTCC
 CATCAACTCTGTCTCAGGACCAGGCTCCCAGCATCCTCTCTGTCTCAGGTCCAAG
 CTTCCCATCAACCCCTGTGAAGCAGGACCATGGCTCCCAGCATCCTCTGTCTCAGGTCC
 AAGCTCCTATCAACTCCTGTGTCCCCAGGACGATGGCTCCAGCAATCCTCTGTCTCAGGTCC
 GCCCAAGCTTCTAACTGCCCTGTGTCCCCAGATCCATAGCCCTGAGCAACTTCTTCTTTT
 20 TCAGTCTCAGCTTCCCAGCTTCTGTAGACTTGGGAAGAGATAGTCTCTAATCCTCTTTCCA
 GGGCTCACATTCTGTGACTTTTGCTAGATGGGAGAGGAATGTTTGATCTGCCTTTGGAATAC
 TGGTCCAAGGGGTAAGTAGTAGTTGCCTTTTCCCGCAGGAGCCAATAGGCCCGCTCACTCT
 GTGCTCTGACAGATGTCTCCTGCTCCAGCTGAAGGGGAACCTTGGGAGATGTTGGTTTGGTT
 CTCACCTGTCTCCTTAAGTCCCACCATTCATGTGAAGACATCACAAGAGTAGTGGTCTG
 25 ACGGGCGCGTTGGCTCACACCTGTAATCCCAGCACTTTGGGAGGCCAAGGTGGGCCGATCA
 CTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACCGGCCAACATGGTGAAACACCATCTT
 TACCAAAAAAAAAAAAAAAAAAATTAGCAAGGCGTGGTGGCACGTGCCTGTAATCCCAGCTG
 GTCGGAAGGCTGAGGCATGAGAATCCCCTGAACCTTGGGAGGCAGAGGTTGCAGTGAGCTA
 AGATCATGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGACAGAATGAGACTCAGTCTAAATAATAATAA
 30 TAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAAGATAGTGGTCTGTCCCCATCCTA
 CTTCAGGGTACCCTGTCCATTAGGGATTTAGTGCAAGTGACAGCAAGTGCAACCCAACCTGG
 TTTGAGAGAAAGAGAAGTGGTTCACACATAACAAAAAGTCCTTCTATGGCTGGCTTTGGCG
 AGGTCTGTCAATCTCTGTCTTAAGGATGCATGGCTCCCCTCCTGTAGCAAGATGGCTGGCA
 GATACCCCTGGGGCCAGATTCATATTTGGGGTGATTAAAGATTCTGCAAGAGAGAGACAACC
 35 TTTATTTACACAGCTTTTCAATTGTTGCCTGTCCCTGGTGAGACTCGGAGACCTAGCTCTT
 GCCTGGTTTCTAAACTTTCAATAACACCGTTTTTGTCTTAAGTCAGCACAAACAGATTTTATT
 TCTTGCAAGCAAAGATTCTGAACAACAACCTTCAGAGCCGTTAACAATGAGGTCTGATCA
 CAAGCTATGGTATAGGACGTGAGAAATTTGTCCCTAGCCTCAATATCTGCTGGAGGGCATC
 ATGGAATAAGTATTTCTATCCTCTGATCCCCACTGTAGGGCATCATGGGATATATAATCCTA
 40 ACCTTCAATCTCTGCCATAGAGTTTCATAGGCAATGCAGTCCTAGCCTCAATATGTTGTAGG
 GAATTATGGGAAAGGTGAAATTATCCTCAATTATAATACAGAGCATCTCAGAAAATGTCGT
 TTTAGCCTCATCTCTGCTGTAGGGCATCATGGGAGATATACTTCTGGCCCAATTTTTGTTGT
 AAGTTGCCATAGAAGATGCAGTCTTTCCTTCCCTTTTTTCTTTTCTTTCTTTCTTTCTTT
 TTTTTTTTTTTTATTATGTAGAGACAGGGTCTCTCGCTATGTTGCCAGGCTGGTCTGAACT
 45 CCTGGGCTCAAGCAGTTCTCCTGCCTTGGCCTCCCAAAGTGCTGGGATTACAGGCAAGAGC
 CATTGCACCCAGTCCCTTCTCTCCTTTCTTTCTTTCATCACCTGCCATATTCCAGGCACTAGGA
 ATAAATCATCAAGTAAATAAACGGCCTTACCCTCCCTGGCAATTATAATGGGGAAAGTTAG
 CTA AAAACAAACAAAAAATTACTGTTCCATTTAACCATCGCTGAATAACAAAAATACCCAGCA
 ACGTAGTGGTGTGAAACAACAACCTTTTAATTTTATGATTCTGTGAGTCAGGAATTGGAGC
 50 AGGATTGGTGTGTATCTGCTTCAAGGATGCACTGGAGCCAAAAATGAACCTAGCTGGAACAGC
 TGGAGATGGAGGGGAGGGGCATCAAGGGCCATATATCTAAGGCTGGTGGTTGGTGTGTGG
 GTTTTGAATAGTGTCTCCAAGTAAATATATGTTGAAGTTCTAGCCCCTGGTATCTGTACA
 TGTGACCTTATTTGGAAATAAAATCTTTGCAAATGTAATTCACTTTTTTGTTTGTGTTGT
 TTGCTCGAGACTGAGTCTCGCTCTGTACCCAGGCTGGAGTGCAGTGGCATGATCTCGGCTC

ACTGTAACCTTCACCTCCTGGGTTCAAGCGATTCTCCTGCCTCAGCCTCCCAAGTAGCTGGG
 ATTATAGGCACGTGTACCATGCCCAGCTAATTTTTGTATTTTCAGTAGGGACGGGGTTTCA
 CCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTGACCTCAAATGATCTGCCACCTCAGCCTCCCA
 AAGTGCTGGGATTATAGGCATGGGGCACTGCATCCTGCCAGATGTGATTAACCTTCTAACC
 5 CCTGGTATCTTTGCATGTGACTTTATTTGGAAATAAGGTGGGTTTTTTTCTTGTTTTTTTTT
 TTTTTTTGAGACAGTTTCACTTTGTGCTCAGGCTGGAGTTCAGTTGCATAATCTCAGCTCA
 CTGAAACCTCTGCCTCCGAGGCTCAAGCGATCCTCCCGCCTCAGTCTCCCGAGTCACTGGG
 ACTACGGGCAAGCGCCACCACACCCGGCTAATTGTTGCAGTTTTTGTAGAGATGGGGTTTT
 GCCATGTTGCCAGGCGGTCTCCAATTGCCACCCTCAAGCAATTCATCCGCCTCGGCCTCCC
 10 AGAGTGCTGGAATTATAGGTGTGAGCCATGGCGCCCGGCCAGAAAGTCTTTGCAGATTTAG
 TTGAATTAATGACTAAATGTTTCCATGCTGAGTTAGAGTGGGCTCTAAATCCAATGATTGAT
 ATGGGGTTATAAGGAGAGATATTTGGAGACATAGCCACAGTCCCAGGGAAGGTGGACATT
 GGAAGACAGAGGTAGGGATTAGAGTGATGCAGCTACAAGCCAAGGAATGGCAAAGATTGC
 TGGCAGTCCCTCAGAAGCAAAGGAGAGGCAAGGAAGGGTTCTTCCCCTGAGACTTTTTTTT
 15 TTTTTTTTGGAGACGGAGTCTCACTGCTGTGAGCCTCAGCTGGAGTGCAATGGCGCGATCTCG
 GCTCACTGCAACCTCTGCCTCCCAGGTTCCAGCAATTCTCCTGCCTCAGCCTCCCGAGTAAC
 TGAGATTACAGGCACCCGCCACCATGCCTGGCTAGTTTTTGCATTTTTAGTAGAGATGGGAT
 TTCACCCTGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTGACCTCAGGTGATCCACCCGCCTCGGCC
 TCCCAAAGTGCTGGGATTACAGGTGTGAGCCCGGAGACTTTAAAGCATGGCTCTTCCCC
 20 TGACGCTTTAAAGCGTGGCTCTTCCCGTGAGACTTCAACACCTTGGTTTTGGACATTTAGC
 ATTCAGAACTGTGAGAGAACAAGTTTCTAGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT
 TGTGTGTGTGTGTGTATGTGTTTTAGACAGAGGCTCATTCTGTTGCCAGGCTGGAGTGCAG
 TGGTTCAATCTCGGCTCACTGCAAACTCCGCTTCTCAGATTCAAGTGATTCTTATGCCTCAG
 CCTCCCAAGTAGCTGGAATTACAGAGGAGCGCCATCACAGCCGGCTATTTTTTTTTTTTTT
 25 TTTGATCTTTAGTAGAGACAGGGTTTCACTGTGTTGGCCAGGCTGGTCTCAAATTCCTGGC
 CTTCAAGTGATATGCCTGCCTTGGCCTCCCAAAGTGCTGGGATTACAGGTGTAAGCCACCAC
 ACCTGGCCTAAGTTTTCTGT
 GGAGTCTCGCTCTGTTGCCAGGCTGGAGTGCAGTGGCATGATCTCGACTCACTGCAAGCT
 CCGCCTCCCGGGTTACGCCATTCTCCTGCCTCAGCCTCCCGAGTAGCTGGGACTACAGGCA
 30 CCCACCACCACGCCAGTTAATTTTTTGTATTTTTAATAGTGACAGGGTTTCATCATGTTAG
 CCAGGATGGTCTCGATCTCCTGACCTCGTGATCCGCCCGCCTCAGCCTCCCGAATTGCTGGG
 ATTACAGGCATGAGCCACCAAACCCGGCCAAGTTTCTGTGGTTTTAAGCCACCTTGCTTGTA
 AGATTTGT
 35 TATATTTACAGGACATATGTAATATGGTTTTGGGTTTTAGTGTTTTTTTTTTTGGAGACAGAG
 TCTGGCTCTGTTGCCAGGCTGGAGTACAGTGGTGGGATCATGGCTCACTGCAGCCTTGAC
 CTCCCGGGCTCAAGGGATCCTCCTGCCTCAGCCTCCCATGTAAGTACAGGACACAGGCATGC
 CCCACCACATCCAGCCAATTTTTTTTTTATTTTTAGTGGAGATGAGGTCTCACTGTGTTGCC
 AGGCTGATCTTGAACCTCTGAGCTCAAGAGATCTTCTTTCTCACCTCCCAAAGTGCTAGG
 ACTACAGGCATGAGCCACTGTGCCTGTCTTCCATGATGTTTTGATATAGGCACACAATGTG
 40 TTAGTTTATAAAGTTTGTAATAATTTATCACAGGCAGCCCTAGGAACTAATATAGCCAAG
 TTTCTGTTTCTTCTCTATATCACATCTGCTGGGGCTACATGTCCAAGGTGGCTTCTTACCC
 ACTTGTCTGGTGCCTGGGCTGAGATGGCTGAAACATCTGGGGCTCTATCTCCACATGGCATT
 TATACATGAGTAGCTTGGGCTTCTCACAGCATGGTGGTCTCAGGGCAGTAGTACTTTTACA
 TGGCAACCAGCTTCCCCAGAGTGAGCGTTCTAAGATTGAGAAAGTGAAAAATGAAAGTTTC
 45 TTAAGAACTTGGTTCCAGAACATAGCACAGCAAACTTCCACCACATTCTACTGGTCAAAGC
 AGTCACAGAGTCACTCATATTCAAGAGGCAGAAAGTACAGACCTCACTTCTTTAAGCCACTA
 CAGTGACAGGTGGTGATATGTCATTAGAGAAAGCCCTAAACAAGAACCTTGTCCCTCACCT
 GCCCCCAAATACCATGGAAGATGTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGGGGATAGTCTCACT
 GTGTCATGCAGTGGTGTGATC

50

SEQ ID N° 57 >gi|184426|gb|M85289.1|HUMHSPG2B Human heparan sulfate proteoglycan (HSPG2)
 mRNA, complete cds
 GGCCGGCGAGCGGGCGGCTGCGGGCGGCGCGGAGCGGGCGGCGCGGAGCGAGCGAGCGA
 GAGAGCGGCGCGGGCCGGGCCATGGGGTGGCGGGCGCCGGGCGCGCTGCTGCTGGCGCTG

CTGCTGCACGGGCGGCTGCTGGCGGTGACCCATGGGCTGAGGGCATAACGATGGCTTGTCTC
 TGCCTGAGGACATAGAGACCGTCACAGCAAGCCAAATGCGCTGGACACATTTCGTACCTTTC
 TGATGATGAGTACATGCTGGCTGACAGCATCTCAGGAGACGACCTGGGCAGTGGGGACCTG
 GGCAGCGGGGACTTCCAGATGGTTTATTTCCGAGCCCTGGTGAATTTCACTCGCTCCATCGA
 5 GTACAGCCCTCAGCTGGAGGATGCAGGCTCCAGAGAGTTTCGAGAGGTGTCCGAGGCTGTG
 GTAGACACGCTGGAGTTCGGAGTACTTGAAAATTCCCGGAGACCAGGTTGTCAAGTGTGGTGT
 TCATCAAGGAGCTGGATGGCTGGGTTTTTGTGGAGCTCGATGTGGGCTCGGAAGGGAATGC
 GGATGGTGTCTCAGATTTCAGGAGATGCTGCTCAGGGTCATCTCCAGCGGCTCTGTGGCCTCC
 TACGTCACTCTCCCCAGGGATTCCAGTTCCGACGCCTGGGCACAGTGCCCCAGTTCCCAA
 10 GAGCCTGCACGGAGGCCGAGTTTGCCTGCCACAGCTACAATGAGTGTGTGGCCTGGAGTA
 TCGCTGTGACCGGCGGCCGACTGCAGGGACATGTCTGATGAGCTCAATTGTGAGGAGCCA
 GTCCTGGGTATCAGCCCCACATTCTCTCTCTTGTGGAGACGACATCTTTACCGCCCCGGCC
 AGAGACAACCATCATGCGACAGCCACCAAGTCACCCACGCTCCTCAGCCCCCTGCTTCCCGGT
 TCCGTCAAGGCCCTGCCCTGTGGGCCCCAGGAGGCCGATGCCGCAATGGGCACTGCATCC
 15 CCAGAGACTACCTCTGCGACGGACAGGAGGACTGCGAGGACGGCAGCGATGAGCTAGACT
 GTGGCCCCCCCCGCCACCCTGTGAGCCCAACGAGTTCCCCTGCGGGAATGGACATTGTGCCCT
 CAAGCTGTGGCGCTGCGATGGTGACTTTGACTGTGAGGACCGAACTGATGAAGCCAACTGC
 CCCACCAAGGTCTCTGAGGAAGTGTGCGGGCCACACAGTTCCGATGCGTCTCTACCAACA
 TGTGCATCCAGCCAGCTTCCACTGTGACGAGGAGAGCGACTGTCCTGACCGGAGCGACGA
 20 GTTTGGCTGCATGCCCCCCCCAGGTGGTGACACCTCCCCGGGAGTCCATCCAGGCTTCCCGG
 GGCCAGACAGTGACCTTCACCTGCGTGGCCATTGGCGTCCCCACCCCCATCATCAATTGGA
 GGCTCAACTGGGGCCACATCCCCTCTCATCCCAGGGTGACAGTGACCAGCGAGGGTGGCCG
 TGGCACACTGATCATCCGTGATGTGAAGGAGTCAGACCAGGGTGCCTACACCTGTGAGGCC
 ATGAACGCCCGGGGCATGGTGTGGCATTCCTGACGGTGTCTTGAGCTCGTCCCAAC
 25 GAGGCCCTGCCCCTGACGGCCACTTCTACCTGGAGCACAGCGCCGCTGCTGCCCTGCTTC
 TGCTTTGGCATCACCAAGCGTGTGCCAGAGCACCCGCCGCTTCCGGGACCAGATCAGGCTGC
 GCTTTGACCAACCCGATGACTTCAAGGGTGTGAATGTGACAATGCCTGCGCAGCCCCGGCAC
 GCCACCCCTCTCCTCCACGCAGCTGCAGATCGACCCATCCCTGCACGAGTTCCAGCTAGTA
 GACCTGTCCCGCCGCTTCCCTCGTCCACGACTCCTTCTGGGCTCTGCCTGAACAGTTCTCTGGG
 30 CAACAAGGTGGACTCCTATGGCGGCTCCCTGCGTTACAACGTGCGCTACGAGTTGGCCCGT
 GGCATGCTGGAGCCAGTGCAGCGGGCCGACGTGGTCCCTCGTGGGTGCCGGGTACCGCCTCC
 TCTCCCGAGGCCACACACCCACCCAACCTGGTGTCTCTGAACCAGCGCCAGGTCCAGTTCTC
 TGAGGAGCACTGGGTCCATGAGTCTGGCCGGCCGGTGCAGCGCGCGGAGCTGCTGCAGGTG
 CTGCAGAGCCTGGAGGCCGTGCTCATCCAGACCGTGTACAACACCAAGATGGCTAGCGTGG
 35 GACTTAGCGACATCGCCATGGATACCACCGTCACCCATGCCACCAGCCATGGCCGTGCCCA
 CAGTGTGGAGGAGTGCAGATGCCCCATTGGCTATTCTGGCTTGTCTCGGAGAGCTGTGAT
 GCCCACTTCACTCGGGTGCCTGGTGGGCCCTACCTGGGCACCTGCTCTGGTTGCAAGTTGCA
 TGGCCATGCCAGCTCCTGTGACCCTGTGTATGGCCACTGCCTGAATTGCCAGCACAAACAG
 GAGGGGCCACAGTGCAACAAGTGCAAGGCTGGCTTCTTTGGGGACGCCATGAAGGCCACG
 40 GCCACTTCTCTGCCGGCCCTGCCCTTGCCCATACATCGATGCCTCCCGCAGATTCTCAGACAC
 TTGCTTCTCTGGACACGGATGGCCAAGCCACATGTGACGCCTGTGCCCCAGGCTACACTGGC
 CGCCGCTGTGAGAGCTGTGCCCCCGGATACGAGGGCAACCCCATCCAGCCCCGGCGGAAGT
 GCAGGCCCCGTCAACCAGGAGATTGTGCGCTGTGACGAGCGTGGCAGCATGGGGACCTCCGG
 GGAGGCCTGCCGCTGTAAGAACAATGTGGTGGGGCGCTTGTGCAATGAATGTGCTGACGGC
 45 TCTTTCCACCTGAGTACCCGAAACCCCGATGGCTGCCTCAAGTGCTTCTGCATGGGTGTGAG
 TCGCCACTGCACCAGCTCTTCATGGAGCCGTGCCAGTTGCATGGGGCCTCTGAGGAGCCT
 GGTCACTTCAGCCTGACCAACGCCGCAAGCACCCACACCACCAACGAGGGCATCTTCTCCC
 CCACGCCCCGGGAACTGGGATTCTCTCTTCCACAGACTCTTATCTGGACCCTACTTCTGG
 AGCCTCCCTTCACGCTTCTCTGGGGGACAAGGTGACCTCCTATGGAGGAGAGCTGCGCTTCA
 50 CAGTGACCCAGAGGTCCCAGCCGGGCTCCACACCCCTGCACGGGCAGCCGTTGGTGGTGTGCT
 GCAAGGTAACAACATCATCCTAGAGCACCATGTGGCCCAGGAGCCAGCCCCGGCCAGCCC
 AGCACCTTCATTGTGCCTTTCCGGGAGCAAGCATGGCAGCGGCCCGATGGGCAGCCAGCCA
 CACGGGAGCACCTGCTGATGGCACTGGCAGGCATCGACACCTCCTGATCCGAGCATCCTA
 CGCCAGCAGCCCCGCTGAGAGCAGGGTCTCTGGCATCAGCATGGACGTGGCTGTGCCCGAG

GAAACCGGCCAGGACCCCGCGCTGGAAGTGGAACAGTGCTCCTGCCCCACCCGGGTACCGTG
 GGCCGTCTGCCAGGACTGTGACACAGGCTACACACGCACGCCAGTGGCCTCTACCTGGG
 TACCTGTGAACGCTGCAGCTGCCATGGCCACTCAGAGGCCTGCGAGCCAGAAACAGGTGCC
 TGCCAGGGCTGCCAGCATCACACGGAGGGCCCTCGGTGTGAGCAGTGCCAGCCAGGATACT
 5 ACGGGGACGCCCAGCGGGGGACACACAGGACTGCCAGCTGTGCCCCCTGCTACGGAGACC
 CTGCTGCCGGCCAGGCTGCCCCACACTTGTCTTCTGGACACAGACGGCCACCCACCTGTGAT
 GCGTGCTCCCCAGGCCACAGTGGGCGTCACTGTGAGAGGTGCGCCCCCTGGCTACTATGGCA
 ACCCCAGCCAGGGCCAGCCATGCCAGAGAGACAGCCAGGTGCCAGGGCCCATAGGCTGCA
 ACTGTGACCCCCAAGGCAGCGTCAGCAGCCAGTGTGATGCTGCTGGTCAGTGCCAGTGCAA
 10 GGCCAGGTAGAAGGCCTCACTTGCAGCCACTGCCGGCCCCACCACTTCCACCTGAGTGCC
 AGCAACCCAGACGGCTGCCTGCCCTGCTTCTGTATGGGCATCACCCAGCAGTGCGCCAGCT
 CTGCCTACACACGCCACCTGATCTCCACCCACTTTGCCCTGGGGACTTCCAAGGCTTTGCC
 CTGGTGAACCCACAGCGAAACAGCCGCTGACAGGAGAATTCACTGTGGAACCCGTGCCCCG
 AGGGTGCCCAGCTCTCTTTTGGCAACTTTGCCCAACTCGGCCATGAGTCCTTCTACTGGCAG
 15 CTGCCGGAGACATAACCAGGGAGACAAGGTGGCGGCCTACGGTGCGGAAGTTGCGATACACC
 CTCTCTACACAGCAGGCCCCACAGGGCAGCCCACTCTCGGACCCCGATGTGCAGATCACGG
 GCAACAACATCATGTAGTGGCCTCCCAGCCAGCGTGCAGGGCCAGAGGAGAGCT
 ACGAGATCATGTTCCGAGAGGAATTCTGGCGCCGGCCGATGGGCAGCGGCCACACGCGA
 GCACCTCCTGATGGCACTGGCCGACCTGGATGAGCTCCTGATCCGGGCCACGTTCTCCTCCG
 20 TGCCGCTGGTGGCCAGCATCAGCGCAGTCAGCCTGGAGGTGCGCCAGCCGGGGCCCTCAAA
 CAGACCCCGCGCCCTCGAGGTGGAGGAGTGCCGCTGCCCGCCAGGCTACATCGGTCTGTCC
 TGCCAGGACTGTGCCCCCGGCTACACGCGCACCGGGAGTGGGCTCTACCTCGGCCACTGCG
 AGCTATGTGAATGCAATGGCCACTCAGACCTGTGCCACCCAGAGACTGGGGCCTGCTCGCA
 ATGCCAGCACAACGCCGAGGGGAGTTCTGCGAGCTTTGTGCCCTGGCTACTACGGAGAT
 25 GCCACAGCCGGGACGCCTGAGGACTGCCAGCCCTGTGCCTGCCCACTGACCAACCCAGAGA
 ACATGTTTTCCCGCACCTGTGAGAGCCTGGGAGCCGGCGGGTACCGCTGCACGGCCTGCGA
 ACCCGGTACACTGGCCAGTACTGTGAGCAGTGTGGCCCAAGTTACGTGGGTAAACCCAGT
 GTGCAAGGGGGCCAGTGCCCTGCCAGAGACAAACCAAGCCCCACTGGTGGTTCGAGGTCCATC
 CTGCTCGAAGCATAGTGCCCCAAGGTGGCTCCCACTCCCTGCGGTGTCAGGTGAGTGGAG
 30 CCCACCCCACTACTTCTATTGGTCCCGTGAGGATGGGCGGCCTGTGCCACGGCACCCAG
 CAGCGACATCAAGGCTCCGAGCTCCACTTCCCCAGCGTCCAGCCCTCGGATGCTGGGGTCT
 ACATTTGCACCTGCCGTAATCTCCACCAATCCAATACCAGCCGGGCAGAGCTGCTGGTCAC
 TGAGGCTCCAAGCAAGCCCATCACAGTGAAGTGTGGAGGAGCAGCGGAGCCAGAGCGTGCG
 CCCCCGAGCTGACGTACCTTCATCTGCACAGCCAAAAGCAAGTCCCCAGCCTATACCCTG
 35 GTGTGGACCCGCCTGCACAACGGGAAACTGCCACCCGAGCCATGGATTTCAATGGCATCC
 TGACCATTGCAACGTCCAGCTGAGTGATGCAGGCACCTACGTGTGCACCCGGCTCCAACAT
 GTTTGCCATGGACCAGGGCACAGCCACTCTACATGTGCAGGCCTCGGGCACCTTGTCCGCC
 CCCGTGGTCTCCATCCATCCGCCACAGCTCACAGTGCAGCCCGGGCAACTGGCGGAGTTCC
 GCTGCAGCGCCACAGGGAGCCCCACGCCACCCCTCGAGTGGACAGGGGGCCCCGGCGGCC
 40 AGCTCCCTGCGAAGGCACAAATCCACGGCGGCATCCTGCGCCTGCCAGCTGTGAGCCCCAC
 GGATCAGGCCCAGTACTTGTGCCGAGCCCCACAGCAGCGCTGGGCAGCAGGTGGCCAGGGCT
 GTGCTCCACGTGCATGGGGGCGGTGGGCCACAGAGTCCAAGTGAGCCCAGAGAGGACCCAG
 GTCCACGCAGGCGGACCGTCAAGGCTGTACTGCAGGGCTGCAGGCGTGCCTAGCGCCACCA
 TCACCTGGAGGAAGGAAGGGGGCAGCCTCCCACCACAGGCCCGGTGAGAGCGCACAGACA
 45 TCGCGACACTGCTCATCCAGCCATCACGACTGCTGACGCCGGCTTCTACCTCTGCGTGGCC
 ACCAGCCCTGCAGGCACTGCCCAGGCCCGGATGCAAGTGGTTGTCTTTCAGCCTCAGATG
 CCAGCCCACCGGGGGTCAAGATTGAGTCTCATCGCCTTCTGTGACAGAAGGGCAAACACT
 CGACCTCAACTGTGTGGTGGCAGGGTCAGCCCATGCCAGGTACCTGGTACAGGCGAGGG
 GGTAGCCTGCCTCCCCACACCCAGGTGCACGGCTCCCGTCTGCGGCTCCCCCAGGTCTCACC
 50 AGCTGATTCTGGAGAATATGTGTGCCGTGTGGAGAATGGATCGGGCCCCAAGGAGGCCTCC
 ATTACTGTGTCTGTGCTCCACGGCACCCATTCTGGCCCCAGCTACACCCCAAGTGCCCCGGCAG
 CACCCGGCCCATCCGCATCGAGCCCTCCTCTCACACGTGGCGGAAGGGCAGACCCTGGAT
 CTGAACTGCGTGGTGGCCGGGCAGGCCACGCCAGGTACGTGGCACAAGCGTGGGGGC
 AGCCTCCCTGCCCCGGCACCCAGACCCACGGCTCGCTGCTGCGGCTGCACCAGGTGACCCCGG

REVENDICATIONS

1. Utilisation d'au moins un polypeptide comprenant au moins un fragment d'une protéine pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5, SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ ID N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N° 20, SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID N° 28 et SEQ ID N° 29, et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité, de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 % d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à SEQ ID N° 8 et SEQ ID N° 10 à SEQ ID N° 29, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B.

20

2. Utilisation d'au moins deux polypeptides en combinaison, lesdits polypeptides comprenant chacun au moins un fragment d'une protéine, pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à une séquence peptidique choisie parmi SEQ ID N° 1 à SEQ ID N° 8 et SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 29, et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité, de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 % d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à SEQ ID N° 8 et SEQ ID N° 10 à SEQ ID N° 29, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une

30

même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B.

5 3. Utilisation d'au moins un polypeptide comprenant au moins un fragment d'une protéine pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ
10 ID N° 2, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 17 et SEQ ID N° 24 et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité, de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 % d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 17 et SEQ ID N° 24.

15 4. Utilisation selon la revendication 3, de cinq polypeptides en combinaison, lesdits polypeptides comprenant chacun au moins un fragment d'une protéine, pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique
20 associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 17 et SEQ ID N° 24 et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité, de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 % d'identité avec l'une
25 quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 17 et SEQ ID N° 24.

5. Utilisation selon l'une quelconque des revendications 1 à 4, caractérisée en ce que la séquence peptidique dudit polypeptide comprend une séquence choisie
30 parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 17 et SEQ ID N° 24.

CCGACTCAGGCGAGTATGTGTGCCATGTGGTGGGCACCTCCGGCCCCCTAGAGGCCTCAGT
 CCTGGTCACCATCGAAGCCTCTGTTCATCCCTGGACCCATCCCACCTGTCAGGATCGAGTCTT
 CATCCTCCACAGTGGCCGAGGGCCAGACCTGGATCTGAGCTGCGTGGTGGCAGGGCAGGC
 CCACGCCCAGGTCACATGGTACAAGCGTGGGGGCAGCCTCCCTGCCCCGGCACCAGGTTTCGT
 5 GGCTCCCGCCTGTACATCTTCCAGGCCTCACCTGCCGATGCGGGACAGTACGTCTGCCGGG
 CCAGCAACGGCATGGAGGCCTCCATCACGGTCACAGTAACTGGGACCCAGGGGGCCAACCT
 AGCCTACCCTGCCGGCAGCACCCAGCCCATCCGCATCGAGCCCTCCTCCTCGCAAGTGGCG
 GAAGGGCAGACCCTGGATCTGAACTGCGTGGTGGCCGGGCAGTCCCATGCCCAGGTACAGT
 GGCACAAGCGTGGGGGCAGCCTCCCTGTCCGGCACCAGACCCACGGCTCCCTGCTGAGACT
 10 CTACCAAGCGTCCCCCGCCGACTCGGGCGAGTACGTGTGCCGAGTGTTGGGCAGCTCCGTG
 CCTCTAGAGGCCTCTGTCTGGTCAACATTGAGCCTGCGGGCTCAGTGCCTGCACTTGGGGT
 CACCCCCACGGTCCGGATCGAGTCATCGTCTTCGCAAGTGGCCGAGGGGCAGACCCTGGAC
 CTGAACTGCCTCGTTGCTGGTCAGGCCCATGCCAGGTACAGTGGCACAAGCGCGGGGGCA
 GCCTCCCGGGCCCGGCACCAGGTGCATGGCTCGAGGGCTACGCCTGCTCCAGGTGACCCCCAGC
 15 TGATTACAGGGGAGTACGTGTGCCGTGTGGTCCGGCAGCTCAGGTACCCAGGAAGCCTCAGTC
 CTTGTACCATCCAGCAGCGCCTTAGTGGCTCCCACTCCCAAGGTGTGGCGTACCCCGTCCG
 CATCGAGTCTCTCCTCAGCCTCCCTGGCCAATGGACACACCCTGGACCTCAACTGCCTGGTTG
 CCAGCCAGGCTCCCCACACCATCACTGGTATAAGCGTGGAGGCAGCTTACCCAGCCGGCA
 CCAGATCGTGGGCTCCCGGCTGCGGATCCCTCAGGTGACTCCGGCAGACTCGGGCAGTAC
 20 GTGTGTACGTACGTACGTAAACGGTGCAGGCTCCCGGGAGACCTCGCTCATCGTACCATCCAGG
 GCAGCGGTTCTCCACGTGCCCAGCGTCTCCCCACCGATCAGGATCGAGTCGTCTTCCCCC
 ACGGTGGTGGAAAGGGCAGACCTTGGATCTGAACTGCGTGGTCCGAGGCAGCCCCAGGCTA
 TCATCACATGGTACAAGCGTGGGGGCAGCCTTCCCTCCCGACACCAGACCCATGGCTCCCA
 CCTGCGGTTGCACCAAATGTCTGTGGCTGACTCGGGCGAGTATGTGTGCCGGGGCCAACAAC
 25 AACATCGATGCCCTGGAGGCCTCCATCGTCATCTCCGTCTCCCTAGCGCCGGCAGCCCCCTC
 CGCCCCCTGGCAGCTCCATGCCCATCAGAAATTGAGTCATCCTCCTCACACGTGGCCGAAGGG
 GAGACCCTGGATCTGAACTGCGTGGTCCCGGGCAGGCCCATGCCAGGTCACTTGGCACA
 AGCGTGGGGGCAGCCTCCCCAGTCAACATCAGACCC
 GCGGCTCACGGCTGCGGCTGCACCATGTGTCCCCGGCCGACTCGGGTGAATACGTGTGCCG
 30 GGTGATGGGCAGCTCTGGCCCCCTGGAGGCCTCAGTCCTGGTCACCATCGAAGCCTCTGGC
 TCAAGTGCTGTCCACGTCCCCGCCCCAGGTGGAGCCCCACCCATCCGCATCGAGCCCTCCTC
 CTCCCGAGTGGCAGAAGGGCAGACCCTGGATCTGAAAGTGCCTGGTGGCCGGGCAGGCCAC
 GCCCAGGTACATGGCACAAGCGTGGAGGAAACCTCCCTGCCCGGCACCAGGTCCACGGCC
 CACTGCTGAGGCTGAACCAGGTGTCCCCGGCTGACTCTGGCGAGTACTCGTGCCAAGTGAC
 35 CGGAAGCTCAGGCACCCTGGAGGCATCTGTCTGGTCAACAATTGAGCCCTCCAGCCAGGA
 CCCATTCTGCTCCAGGACTGGCCCAGCCCATCTACATCGAGGCCTCCTCTTACACGTGAC
 TGAAGGGCAGACTCTGGATCTGAACTGTGTGGTGGCCGGGCAGGCCCATGCCAGGTCAAG
 TGGTACAAGCGCGGGGGCAGCCTCCCCGCCCCGGCACCCAGACCCATGGCTCCAGCTGCGGC
 TCCACCTCGTCTCCCTGCCGACTCAGGCGAGTATGTGTGTCTGTCAGCCAGCGGCCCAGG
 40 CCCTGAGCAAGAAGCCTCCTTACAGTCAACGTCCCGCCCAGTGAGGGGTCTTCTACCGC
 CTTAGGAGCCCGGTCACTCTCCATCGACCCGCCAGCAGCACCGTGCAGCAGGGCCAGGATG
 CCAGCTTCAAGTGCTCATCCATGACGGGGCAGCCCCCATCAGCCTCGAGTGGAAGACCCG
 GAACCAGGAGCTGGAGGACAACGTCCACATCAGTCCCAATGGCTCCATCATCACCATCGT
 GGCACCCGGCCCCAGCAACCACGGTACCTACCGTGGCTGGCCTCCAATGCCTACGGTGTGG
 45 CCCAGAGTGTGGTGAACCTCAGTGTGCACGGCCCCCTACAGTGTCCGTGCTCCCCGAGGG
 CCCCCTGTGGGTGAAAGTGGGAAAGGCTGTACCCTGGAGTGTGTGAGTGCCTGGGGGAGCCC
 CGTCTCTGCTCGTTGGACCCGGATCAGCAGCACCCCTGCCAAGTTGGAGCAGCGGACAT
 ATGGGCTCATGGACAGCCACGCGGTGCTGCAGATTTTCATCAGCTAAACCATCAGATGCGGG
 CACTTATGTGTGCCTTGTCTCAGAATGCACTAGGCACAGCACAGAAGCAGGTGGAGGTGATC
 50 GTGGACACGGGCGCCATGGCCCCAGGGGCCCTCAGGTCCAAGCTGAAGAAGCTGAGCTG
 ACTGTGGAGGCTGGACACACGGCCACCTTGCCTGCTCAGCCACAGGCAGCCCCGCGCCCA
 CCATCCACTGGTCCAAGCTGCGTTCCCCACTGCCCTGGCAGCACCCGGCTGGAAGGTGACAC
 ACTCATCATACCCCGGGTAGCCCCAGGAGTCCGGGCCAGTACATCTGCAATGCCACTAGC
 CCTGCTGGGCACGCTGAGGCCACCATCATCCTGCACGTGGAGAGCCCACCATATGCCACCA

CGGTCCCAGAGCACGCTTCGGTGCAGGCAGGGGAGACGGTGCAGCTCCAGTGCCTGGCTCA
 CGGGACACCCCCACTCACCTTCCAGTGGAGCCGCGTGGGCAGCAGCCTTCCTGGGAGGGCG
 ACCGCCAGGAACGAGCTGCTGCACTTTGAGCGTGCAGCCCCTGAGGACTCAGGCCGCTACC
 5 GCTGCCGGGTCAACAAAGGTGGGCTCAGCCGAGGCCCTTGGCCAGCTGCTCGTCCAAGG
 CCCTCCCGGCTCTCTCCCTGCCACCTCCATCCAGCAGGGTCCACGCCACCGTGCAGGTCA
 CGCCTCAGCTAGAGACCAAGAGCATTGGGGCCAGCGTTGAGTTCCACTGTGCTGTGCCAG
 CGACCAGGGTACCCAGCTCCGTTGGTTCAAGGAAGGGGGTCAAGTGCCTCCGGGTACAGC
 GTGCAGGATGGGGTGTCCGAATCCAGAATTGGACCAGAGCTGCCAAGGGACGTATATAT
 10 GCCAGGCCCATGGACCTTGGGGGAAGGCCAGGCCAGTGCCAGCTGGTTATCCAAGCCCT
 GCCCTCGGTGCTCATCAACATCCGGACCTCTGTGCAGACCGTGGTGGTTGGCCACGCCGTG
 GAGTTCGAATGCCTGGCACTGGGTGACCCCAAGCCTCAGGTGACATGGAGCAAAGTTGGAG
 GGCACCTGCGGCCAGGCATTGTGCAGAGCGGAGGTGTGCTCAGGATCGCCACGTAGAGCT
 GGCTGATGCGGGACAGTATCGCTGCACTGCCACCAACGCAGCTGGCACCACACAATCCAC
 15 GTCCTGCTGCTTGTGCAAGCCTTGGCCCAGATCTCAATGCCCAAGAAGTCCGTGTGCCTGC
 TGGTCTGCAGCTGTCTTCCCCTGCATAGCCTCAGGCTACCCCACTCCTGACATCAGCTGGA
 GCAAGCTGGATGGCAGCCTGCCACCTGACAGCCGCTGGAGAACAACATGCTGATGCTGCC
 CTCAGTCCGACCCCAGGACGCAGGTACCTACGTCTGCACCGCCACTAACCGCCAGGGCAAG
 GTCAAAGCCTTTGGCCACCTGCAGGTGCCAGAGCGGGTGGTGGCCCTACTTCACGCAGACCC
 20 CCTACTCCTTCTACCGCTGCCACCATCAAGGATGCCTACAGGAAGTTCGAGATCAAGAT
 CACCTTCCGGCCCGACTCAGCCGATGGGATGCTGCTGTACAATGGGCAGAAGCGAGTCCCA
 GGGAGCCCCACCAACCTGGCCAACCGGCAGCCCGACTTCATCTCCTTCGGCCTCGTGGGG
 GAAGGCCCGAGTTCCGGTTCGATGCAGGCTCAGGCATGGCCACCATCCGCCATCCACACC
 ACTGGCCCTGGGCCATTTCCACACCGTGACCCTGCTGCGCAGCCTCACCCAGGGCTCCCTG
 25 ATTGTTGGGTGACCTGGCCCCGGTCAATGGGACCTCCAGGGCAAGTTCAGGGCCTGGATC
 TGAACGAGGAACCTACCTGGGTGGCTATCCTGACTATGGTGCCATCCCCAAGGCGGGGCT
 GAGCAGCGGCTTCATAGGCTGTGTCCGGGAGCTGCGCATCCAGGGCGAGGAGATCGTCTTC
 CATGACCTCAACCTCACGGCGCACGGCATCTCCCACTGCCCCACCTGTCCGGACCGGCCCT
 GCCAGAATGGCGGTCAAGTGCATGACTCTGAGAGCAGCAGCTACGTGTGCGTCTGCCCAGC
 30 TGGCTTACCCGGGAGCCGCTGTGAGCACTCGCAGGCCCTGCACTGCCATCCAGAGGCCTGT
 GGGCCCGACGCCACCTGTGTGAACCGGCCTGACGGTCGAGGCTACACCTGCCGCTGCCACC
 TGGGCCGCTCGGGGTGCGGTGTGAGGAAGGTGACAGTGACCACCCCTCGTGTCCGGG
 TGCTGGCTCCTACCTGGCACTGCCCCGCCCTACCAACACACACACACAGCAGCTACGCCTGGAC
 GTGGAGTTCAAGCCACTCGCCCCTGACGGGGTCTGCTGTTACAGCGGGGGGAAGAGCGGGC
 35 CTGTGGAGGACTTCGTGTCCCTGGCGATGGTGGGCGGCCACCTGGAGTTCCGCTATGAGTT
 GGGGTGAGGGCTGGCCGTTCTGCGGAGCGCCGAGCCGCTGGCCCTGGGCCGCTGGCACCGT
 GTGTCTGCAGAGCGTCTCAACAAGGACGGCAGCCTGCGGGTGAATGGTGGACGCCCTGTGC
 TGGCTCCTCGCCCCGCAAGAGCCAGGGCCTCAACCTGCACACCCTGCTCTACCTGGGGGG
 TGTGGAGCCTTCCGTGCCACTGTCCCCGGCCACCAACATGAGCGCTCACTTCCGCGGCTGTG
 TGGGCGAGGTGTCAAGTGAATGGCAAACGGCTGGACCTCACCTACAGTTTCTAGGCAGCCA
 40 GGGCATCGGGCAATGCTATGATAGCTCCCCATGTGAGCGCCAGCCTTGCCAACATGGTGCC
 ACGTGCATGCCCGCTGGCGAGTATGAGTTCCAGTGCCTGTGTGAGATGGATTCAAAGGAG
 ACCTGTGTGAGCACGAGGAGAACCCTGCCAGCTCCGTGAACCCTGTCTGCATGGGGGCAC
 CTGCCAGGGCACCCGCTGCCTCTGCCTCCCTGGCTTCTCTGGCCACGCTGCCAACAAGGCT
 CTGGACATGGCATAGCAGAGTCCGACTGGCATCTTGAAGGCAGCGGGGGCAATGATGCCCC
 45 TGGCAGTACGGAGCCTATTTCCACGATGATGGCTTCCCTCGCCTTCCCTGGCCATGTCTTCT
 CCAGGAGCCTGCCCCGAGGTGCCCCGAGACCATCGAGCTGGAGGTTCCGACCAGCACAGCCA
 GTGGCCTCCTGCTCTGGCAGGGTGTGGAGGTGGGAGAGGCCGGCCAAGGCAAGGACTTCAT
 CAGCCTCGGGCTTCAAGACGGGCACCTTGTCTTCAGGTACCAGCTGGGTAGTGGGGAGGCC
 CGCCTGGTCTCTGAGGACCCCATCAATGACGGCGAGTGGCACCGGGTGACAGCACTGCGGG
 50 AGGGCCGCAGAGGTTCCATCCAAGTCGACGGTGAGGAGCTGGTCAGCGGCCGGTCCCCAG
 GTCCCAACGTGGCAGTCAACGCCAAGGGCAGCGTCTACATCGGCGGAGCCCTGACGTGGC
 CACGCTGACCGGGGGCAGATTCTCCTCGGGCATCACAGGCTGTGTCAAGAACCTGGTGCTG
 CACTCGGCCCCGACCCGGCGCCCCGCCCCACAGCCCTGGACCTGCAGCACCGCGCCCCAGG
 CCGGGGCCAACACACGCCCTGCCCTCGTAGGCACCTGCCTGCCCCACACGGACTCCCCG

GCCACGCCCCAGCCCCGACAATGTCGAGTATATTATTATTAATATTATTATGAATTTTTGTAA
 GAAACCGAGGCGATGCCACGCTTTGCTGCTACCGCCCTGGGCTGGACTGGAGGTGGGCATG
 CCACCCTCACACACACAGCTGGGCAAAGCCACAAGGCTGGCCAGCAAGGCAGGTTGGATG
 GGAGTGGGCACCTCAGAAAGTCACCAGGACTTGGGGTCAGGAACAGTGGCTGGGTGGGCC
 5 CAGAACTGCCCCCACTGTCCCCCTACCCACCGATGGAGCCCCCAGATAGAGCTGGGTGGCC
 TGTTCCTGCAGCCCTTGGGCAAGTCTCACTCCTAGGAGAGCCAACTCGGCTTGTGGGCTGG
 TGCCCCACAGCTACCTGAGACGGGCATCGCAGGAGTCTCTGCCACCCACTCAGGATTGGGA
 ATGTCTTTAGTGCCGGCTGTGGAGCAAAAGGCAGCTCACCCCTGGGCAGGCGGTCCCCAT
 CCCCACCAGCTCGTTTTTCAGCACCCCCACCCACCTCCACCCAGCCCCCTGGCACCTCCTCTG
 10 GCAGACTCCCCCTCCTACCAGTCCTCCTGGCCTGCATTCCCAACCCCTCCTGCCAGCACAC
 AGCCTGGGGTCCCTCCCTCAGGGGCTGTAAGGGAAGGCCACCCCAACTCTTACCAGGAGC
 TGCTACAGGCAGAGCCCCAGCACTGATAGGGCCCCGCCACCGGGCCCCGCCACCCAGGC
 CACATCCCCACCCATCTGGAAGTGAAGGCCAGGACTCCTCCAACAGACAACGGACGGAC
 GGATGCCGCTGGTGCTCAGGAAGAGCTAGTGCCTTAGGTGGGGAAGGCAGGACTCACGA
 15 CTGAGAGAGAGAGGAGGGGGATATGACCACCCTGCCCCATCTGCAGGAGCCTGAAGATCC
 AGCTCAAGTGCCATCCTGCCAGTGGCCCCCAGACTGTGGGGTTGGGACGCCTGGCCTCTGT
 GTCCTAGAAGGGACCCTCCTGTGGTCTTTGTCTTGATTTTTCTTAATAAACGGTGCTATCCC
 CGCC

20 **GM2 activateur**
 SEQ ID 58 IPTGEPCPEP LRTYG
 SEQ ID 59 IESVLSSSGK RLG
 SEQ ID 60 ATPAQHLKK PSQLSSFS

25 **Saposine B**
 SEQ ID 61 RIQAMIPKGA LRVAV
 SEQ ID 62 GICQCLAERY SVILL

30 **Calgranuline B**
 SEQ ID 63 EKMHEGDEGP GHCHKPG
 SEQ ID 64 DLQNFLKKEN KNE
 SEQ ID 65 VKLGHPDTLN QGEFKELVR

35 **Peptide muté 1**
 SEQ ID N° 68 FSWDNCFEGK DPAVIR
 SEQ ID N°66 TTYWSNTGGG AYAAYTGYTT YGARGGNAAR GAYCCNGCNG TNATHMGN

40 **Peptide muté 2**
 SEQ ID N° 69 YSLPKSEFAV PDLELP
 45 SEQ ID N°67 TAYWSNYTNC CNAARWSNGA RTTYGCNGTN CCNGAYYTNG ARYTNCN

SEQ ID N° 69 > NAME = 'Reverse-Translation of PERLECAN' : TYPE = DNA
 GAYGCNCCNGGNCARTAYGGNGCNTAYTTYCAYGAYGAYGGNTTYTNGCNTTYCCNGGN
 CAYGTNTTYWSNMGNWSNYTNCCNGARGTNCCNGARACNATHGARYTNGARGTNMGNACN
 50 WSNACNGCNWSNGGNYTNYTNYTNTGGCARGGNGTNGARGTNNGGNGARGCNGGNCARGGN
 AARGAYTTYATHWSNYTNGGNYTNCARGAYGGNCAYYTNGTNTTYMGNTAYCARYTNGGN
 WSNGGNGARGCNMGNYTNGTNWSNGARGAYCCNATHAAYGAYGGNGARTGGCAYMGNGT
 NACNGCNYTNGMNGARGGNMGNMNGGNGWSNMGNARGTNGAYGGNGARGARYTNGTN
 WSNGGNMGNWSNCCNGGNCNAAYGTNGCNGTNAAYGCNAARGGNWSNGTNTAYATHGG

NGGNGCNCCNGAYGTNGCNACNYTNACNCGGNGGNMGNTTYWSNWSNGGNATHACNCGGNT
 GYGTAARAAYYTNGTNYTNCAYWSNGCNMGNCNCGGNGCNCCNCCNCCNCARCCNYTNG
 AYYTNCARCAYMGNGCNCARGCNGGNGCNAAYACNMGNCCNTGYCCNWSN

5

SEQ ID N° 70> NAME = 'Reverse-Translation of RBP ' : TYPE = DNA

ATGAARTGGGTNTGGGCNYTNYTNYTNYTNGCNGCNTGGGCNGCNGCNGARMGNGAYTGY
 MGNGTNWSNWSNTTYMGNGTNAARGARAA YTTYGAYAARGCNMGNTTYWSNGGNACNTG
 GTAYGCNATGGCNAARAARGAYCCNGARGGNYTNTTYTNCARGAYAA YATHGTNGCNGA
 10 RTTYWSNGTNGAYGARACNCGNCARATGWSNGCNACNGCNAARGGNMGNGTNMGNYTNY
 TNAAYAA YTGGGAYGTNTGYGCNGAYATGGTNGGNACNTTYACNGAYACNGARGAYCCNG
 CNAARTTYAARATGAARTAYTGGGGNGTNGCNWSNTTYTNCARAARGGNAAYGAYGAYC
 AYTGGATHGTNGAYACNGAYTAYGAYACNTAYGCNGTNCARTAYWSNTGYMGNYTNYTNA
 AYYTNGAYGGNACNTGYGCNGAYWSNTAYWSNTTYGTNTTYWSNMGNGAYCCNAA YGGN
 15 YTNCCNCCNGARGCNCARAARATHGTNMGNCARMGNCARGARGARYTNTGYTNGCNMGN
 CARTAYMGNYTNATHGTNCAYAA YGGNTAYTGYGAYGGNMGNWSNGARMGNAAYYTNYT
 N

20 SEQ 71 > NAME = 'Reverse-Translation of GM2MUT F' : TYPE = DNA

ATGCARWSNYTNATGCARGCNCCNYTNYTNATHGCNYTNGGNYTNYTNYTNGCNACNCCN
 GCNCARGCNCAYYTNAARAARCCNWSNCARYTNWSNWSNTTYWSNTGGGAYAA YTYTTY
 GARGGNAARGAYCCNGCNGTNGATHMGNWSNYTNACNYTNGARCCNGAYCCNATHGTNGTN
 CCNGGNAAYGTNACNYTNWSNGTNGTNGGNWSNACNWSNGTNCNCCNYTNWSNWSNCCNYT
 25 NAARGTNGAYYTNGTNYTNGARAARGARGTNGCNGGNYTNTGGATHAARATHCCNTGYAC
 NGAYTAYATHGGNWSNTGYACNTTYGARCA YTTYTGYGAYGTNYTNGAYATGYTNATHCC
 NACNGGNGARCCNTGYCCNGARCCNYTNMGNACNTAYGGNYTNCNCCNTGYCAYTGYCCNTT
 YAARGARGGNACNTAYWSNYTNCCNAARWSNGARTTYGCNGTNCNCCNGAYYTNGARYTNCC
 NWSNTGGYTACNACNCGGNAAYTAYMGNATHGARWSNGTNYTNWSNWSNWSNCGGNAARM
 30 GNYTNGGNTGYATHAARATHGCNGCNWSNYTNAARGGNATH

6. Utilisation selon l'une quelconque des revendications 1 à 4, caractérisée en ce que la séquence peptidique dudit polypeptide consiste en une séquence choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 17
5 et SEQ ID N° 24.

7. Utilisation d'un fragment polypeptidique défini dans la revendication 1 ou dans la revendication 3 pour la préparation d'un peptide immunogène, caractérisé en ce que ledit peptide comprend tout ou partie d'au moins une des séquences référencée
10 SEQ ID N° 58 à 65.

8. Utilisation d'au moins un fragment nucléotidique, pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie
15 dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, selon laquelle ledit fragment nucléotidique est choisi parmi des fragments qui codent pour au moins un fragment d'une protéine, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5, SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 10,
20 SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ ID N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N° 20, SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID N° 28 et SEQ ID N° 29 et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité, de préférence au moins 80 % et avantageusement au moins 98 %
25 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à SEQ ID N° 8 et SEQ ID N° 10 à 29, les fragments complémentaires desdits fragments et les fragments qui codent pour les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisie parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur
30 du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B.

9. Utilisation selon la revendication 8, caractérisée en ce que ledit fragment nucléotidique code pour ladite protéine.

5 10. Utilisation selon la revendication 9, caractérisée en ce que la séquence peptidique de ladite protéine à l'état natif consiste en une séquence choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 1 à 8 et SEQ ID N° 10 à 29 et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B.

10

11. Utilisation d'au moins un fragment nucléotidique pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune selon laquelle ledit fragment est un
15 fragment d'une séquence nucléique choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 30, SEQ ID N° 31, SEQ ID N° 32, SEQ ID N° 33, SEQ ID N° 34, SEQ ID N° 35, SEQ ID N° 36, SEQ ID N° 37, SEQ ID N° 38, SEQ ID N° 39, SEQ ID N° 40, SEQ ID N° 41, SEQ ID N° 42, SEQ ID N° 43, SEQ ID N° 44, SEQ ID N° 45, SEQ ID N° 46 et SEQ ID N° 47, SEQ ID N° 48, SEQ ID N° 49 et SEQ ID N° 50, SEQ ID N° 51, SEQ ID N°
20 52, SEQ ID N° 53, SEQ ID N° 54, SEQ ID N° 55, SEQ ID N° 56, SEQ ID N° 57, SEQ ID N° 67, SEQ ID N° 68, SEQ ID N° 69, SEQ ID N° 70 et SEQ ID N° 71 et leurs séquences complémentaires.

12. Utilisation d'un ligand spécifique d'un polypeptide ou d'un fragment
25 nucléotidique selon l'une quelconque des revendications précédentes pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune.

13. Utilisation selon l'une quelconque des revendications précédentes, caractérisée en ce que la maladie dégénérative et/ou auto-immune est la sclérose en plaques.

5 14. Procédé pour détecter au moins une protéine associée à une maladie dégénérative et/ou auto-immune, dans un échantillon biologique, caractérisé en ce que l'on met en contact l'échantillon biologique avec au moins un ligand spécifique d'au moins un polypeptide, ledit polypeptide comprenant au moins un fragment d'une protéine et ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à
10 l'état natif correspond à SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5, SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ ID N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N° 20, SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID
15 N° 28 et SEQ ID N° 29 et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à SEQ ID N° 8 et SEQ ID N° 10 à 29, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le
20 précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B, puis on détecte la formation d'un complexe entre ledit polypeptide et ledit ligand.

15. Procédé selon la revendication 14, caractérisé en ce que ledit ligand est
25 un anticorps monoclonal, un anticorps polyclonal, un récepteur, un substrat d'activité enzymatique ou une enzyme dont ledit polypeptide est un cofacteur.

16. Procédé pour détecter au moins un ligand associé à une maladie dégénérative et/ou auto-immune, dans un échantillon biologique, caractérisé en ce que
30 l'on met en contact l'échantillon biologique avec au moins un polypeptide comprenant au moins un fragment d'une protéine, ladite protéine étant choisie parmi les protéines

dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5 SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ ID N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N° 20, SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID N° 28 et SEQ ID N° 29, les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité, de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 % d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à SEQ ID N° 8 et SEQ ID N° 10 à SEQ ID N° 29, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisie parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B, puis on détecte la formation d'un complexe entre ledit polypeptide et ledit ligand.

15

17. Procédé selon la revendication 16, caractérisé en ce que le ligand est un anticorps, un récepteur, un substrat d'activité enzymatique ou une enzyme dont ledit polypeptide est un cofacteur.

20

18. Procédé selon l'une quelconque des revendications 14 à 17, caractérisé en ce que la séquence dudit polypeptide comprend une séquence peptidique choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 1 à 8 et SEQ ID N° 10 à 29.

25

19. Procédé selon l'une quelconque des revendications 14 à 17, caractérisé en ce que la séquence dudit polypeptide consiste en une séquence peptidique choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 1 à 8 et SEQ ID N° 10 à 29.

20. Procédé selon l'une quelconque des revendications 14 à 19, caractérisé en ce que l'échantillon biologique est l'urine, le liquide céphalo-rachidien ou le sérum.

30

21. Procédé selon l'une quelconque des revendications 14 à 20, caractérisé en ce que la maladie dégénérative et/ou auto-immune est la sclérose en plaques.

5 22. Polypeptide caractérisé en ce qu'il comprend au moins un fragment d'une protéine dont la séquence peptidique correspond à SEQ ID N° 9, ledit fragment comprenant au moins une mutation par rapport à la séquence de référence SEQ ID N° 8.

23. Polypeptide selon la revendication 22, caractérisé en ce qu'il comprend au moins deux mutations par rapport à la séquence de référence SEQ ID N° 8.

10

24. Polypeptide selon la revendication 22, caractérisé en ce qu'il est choisi parmi les polypeptides qui comprennent la séquence en acides aminés FSWDNCFEGKDPVIR, référencée SEQ ID N° 68 et la séquence en acides aminés YSLPKSEFAVPDLELP, référencée SEQ ID N° 69.

15

25. Polypeptide selon l'une des revendications 22 à 24, caractérisé en ce qu'il comprend une protéine dont la séquence peptidique correspond à SEQ ID N° 9.

26. Polypeptide selon l'une des revendications 22 à 25, caractérisé en ce qu'il consiste en une protéine dont la séquence peptidique correspond à SEQ ID N° 9.

20

27. Utilisation d'au moins un polypeptide selon l'une quelconque des revendications 22 à 26 pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune.

25

28. Utilisation selon la revendication 26, caractérisée en ce que le polypeptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 22 à 26 est utilisé en mélange avec au moins un polypeptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 1 à 5.

30

29. Procédé pour détecter au moins un ligand associé à une maladie dégénérative et/ou auto-immune, dans un échantillon biologique, caractérisé en ce que l'on met en contact l'échantillon biologique avec au moins un polypeptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 22 à 26, puis on détecte la formation d'un complexe entre ledit polypeptide et le ligand.

30. Procédé selon la revendication 29, caractérisé en ce que l'on met en contact l'échantillon biologique avec un polypeptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 22 à 26 et avec au moins un polypeptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 1 à 5.

31. Procédé selon la revendication 29 ou 30, caractérisé en ce que ledit ligand est un anticorps, un récepteur, un substrat d'activité enzymatique ou une enzyme dont ledit polypeptide est un cofacteur.

32. Procédé pour détecter au moins un polypeptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 22 à 26 dans un échantillon biologique caractérisé en ce que l'on met en contact l'échantillon biologique avec au moins un ligand spécifique dudit polypeptide, puis on détecte la formation d'un complexe entre ledit polypeptide et ledit ligand.

33. Procédé selon la revendication 32, caractérisé en ce que ledit ligand est anticorps monoclonal, un anticorps polyclonal, un récepteur, un substrat d'activité enzymatique ou une enzyme dont ledit polypeptide est un cofacteur.

34. Procédé selon la revendication 30 ou 31, caractérisé en ce que l'on met en contact l'échantillon biologique avec un ligand tel que défini dans l'une quelconque des revendications 31 et 33 et au moins un ligand spécifique d'au moins un polypeptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 1 à 5, puis on détecte la

formation de complexes entre lesdits polypeptides et lesdits ligands spécifiques desdits polypeptides.

35. Procédé selon la revendication 34, caractérisé en ce que le ligand est un anticorps monoclonal, un anticorps polyclonal, un récepteur, un substrat d'activité enzymatique ou une enzyme dont ledit polypeptide est un cofacteur.

36. Fragment nucléotidique caractérisé en ce qu'il code pour un polypeptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 22 à 26.

37. Utilisation d'un fragment nucléotidique pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou auto-immune, selon laquelle ledit fragment nucléotidique est le fragment nucléotidique défini dans la revendication 35, éventuellement en association avec au moins un fragment nucléotidique tel que défini dans l'une quelconque des revendications 8 à 11, et les fragments complémentaires desdits fragments.

38. Procédé selon l'une quelconque des revendications 29 à 35, caractérisé en ce que l'échantillon biologique est l'urine, le liquide céphalo-rachidien ou le sérum.

39. Procédé selon l'une quelconque des revendications 29 à 36 caractérisé en ce que la maladie dégénérative et/ou auto-immune est la sclérose en plaques.

40. Procédé pour détecter au moins un polypeptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 1 à 5 ou dans l'une quelconque des revendications 22 à 26, selon lequel on prélève un échantillon d'un fluide biologique d'un patient présentant un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune et éventuellement après purification dudit échantillon de fluide biologique, on analyse par spectrométrie de masse le profil de masse obtenu à partir du fluide biologique et on compare à un profil de masse de référence.

41. Utilisation d'au moins un polypeptide comprenant au moins un fragment d'une protéine pour tester l'efficacité d'un agent thérapeutique, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à

5 SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5, SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 9, SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ ID N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N° 20, SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID N° 28 et

10 SEQ ID N° 29, les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisie parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmotique de liaison au

15 rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B.

42. Utilisation d'au moins un polypeptide comprenant au moins un fragment d'une protéine pour définir un matériel biologique pour la préparation d'une

20 composition pharmaceutique destinée au traitement d'une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, telle que la sclérose en plaques, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5, SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 9, SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12,

25 SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ ID N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N° 20, SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID N° 28 et SEQ ID N° 29, les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec

30 l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de

protéines choisie parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline et de la saposine.

5 43. Utilisation selon la revendication 41 ou 42, caractérisée en ce que le polypeptide est choisi parmi SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24.

 44. Utilisation d'au moins un fragment nucléotidique, pour tester l'efficacité d'un agent thérapeutique pour un état pathologique associé à une maladie
10 dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, selon laquelle ledit fragment nucléotidique est choisi parmi les fragments qui codent pour au moins un fragment d'une protéine, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ
15 ID N° 4, SEQ ID N° 5, SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 9, SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ ID N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N° 20, SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID
20 N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID N° 28 et SEQ ID N° 29, les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité, de préférence au moins 80 % et avantageusement au moins 98 % d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, et les fragments complémentaires desdits fragments et les fragments qui codent pour les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisie parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de
25 la calgranuline B et de la saposine B.

 45. Utilisation pour tester l'efficacité d'un agent thérapeutique pour un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, de protéines recombinantes et/ou codées par tout ou partie des fragments
30 nucléotidiques définis à la revendication 44.

46. Utilisation d'au moins un fragment nucléotidique pour la préparation d'une composition pharmaceutique destinée au traitement d'une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, telle que la sclérose en plaques, selon laquelle ledit fragment nucléotidique est choisi parmi des fragments qui codent pour au moins un
5 fragment d'une protéine, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5, SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 9, SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ
10 ID N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N° 20, SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID N° 28 et SEQ ID N° 29, les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité, de préférence au moins 80 % et avantageusement au moins 98 % d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, et les fragments complémentaires desdits fragments et
15 les fragments qui codent pour les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisie parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B.

20 47. Utilisation pour la préparation d'une composition pharmaceutique destinée au traitement d'une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, telle que la sclérose en plaques, de protéines recombinantes et/ou codées par tout ou partie des fragments nucléotidiques définis à la revendication 46.

25 48. Utilisation selon la revendication 44 ou 46, caractérisée en ce que ledit fragment nucléotidique code pour ladite protéine.

49. Utilisation selon la revendication 48, caractérisée en ce que la séquence peptidique de ladite protéine à l'état natif consiste en une séquence choisie parmi l'une
30 quelconque des SEQ ID N° 1 à 29, les séquences peptidiques qui présentent au moins

70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B.

50. Utilisation selon la revendication 49, caractérisée en ce que les polypeptides sont choisis parmi SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24.

10

51. Utilisation d'au moins un fragment nucléotidique, pour tester l'efficacité d'un agent thérapeutique pour un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune selon laquelle ledit fragment est un fragment d'une séquence nucléique choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 30, SEQ ID N° 31, SEQ ID N° 32, SEQ ID N° 33, SEQ ID N° 34, SEQ ID N° 35, SEQ ID N° 36, SEQ ID N° 37, SEQ ID N° 38, SEQ ID N° 39, SEQ ID N° 40, SEQ ID N° 41, SEQ ID N° 42, SEQ ID N° 43, SEQ ID N° 44, SEQ ID N° 45, SEQ ID N° 46 et SEQ ID N° 47, SEQ ID N° 48, SEQ ID N° 49 et SEQ ID N° 50, SEQ ID N° 51, SEQ ID N° 52, SEQ ID N° 53, SEQ ID N° 54, SEQ ID N° 55, SEQ ID N° 56, SEQ ID N° 57, SEQ ID N° 66, SEQ ID N° 67, SEQ ID N° 68, SEQ ID N° 69, SEQ ID N° 70, SEQ ID N° 71, et leurs séquences complémentaires.

52. Utilisation d'au moins un fragment nucléotidique pour la préparation d'une composition pharmaceutique destinée au traitement d'une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, telle que la sclérose en plaques selon laquelle ledit fragment est un fragment d'une séquence nucléique choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 30, SEQ ID N° 31, SEQ ID N° 32, SEQ ID N° 33, SEQ ID N° 34, SEQ ID N° 35, SEQ ID N° 36, SEQ ID N° 37, SEQ ID N° 38, SEQ ID N° 39, SEQ ID N° 40, SEQ ID N° 41, SEQ ID N° 42, SEQ ID N° 43, SEQ ID N° 44, SEQ ID N° 45, SEQ ID N° 46 et SEQ ID N° 47, SEQ ID N° 48, SEQ ID N° 49 et SEQ ID N° 50, SEQ ID N° 51, SEQ ID N° 52, SEQ ID N° 53, SEQ ID N° 54, SEQ ID N° 55, SEQ ID N°

30

56, SEQ ID N° 57, SEQ ID N° 66, SEQ ID N°67, SEQ ID N° 68, SEQ ID N° 69, SEQ ID N°70 , SEQ ID N° 71, et leurs séquences complémentaires.

53. Utilisation selon la revendication 51 ou 52, caractérisée en ce que la
5 séquence nucléique est choisie parmi SEQ ID N° 30, 31, 42, 53.

54. Utilisation de la lycorine pour la préparation d'une composition pour la
prévention et/ou le traitement de maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-
immune.

De préférence, ledit fragment nucléotidique code pour une protéine qui à l'état natif consiste en une séquence choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N°s 1 à 8 et SEQ ID N°s 10 à 29 précitées, et parmi les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B.

Un autre objet de l'invention est l'utilisation d'au moins un fragment nucléotidique pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune selon laquelle ledit fragment est un fragment d'une séquence nucléique choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 30, SEQ ID N° 31, SEQ ID N° 32, SEQ ID N° 33, SEQ ID N° 34, SEQ ID N° 35, SEQ ID N° 36, SEQ ID N° 37, SEQ ID N° 38, SEQ ID N° 39, SEQ ID N° 40, SEQ ID N° 41, SEQ ID N° 42, SEQ ID N° 43, SEQ ID N° 44, SEQ ID N° 45, SEQ ID N° 46 et SEQ ID N° 47, SEQ ID N° 48, SEQ ID N° 49 et SEQ ID N° 50, SEQ ID N° 51, SEQ ID N° 52, SEQ ID N° 53, SEQ ID N° 54, SEQ ID N° 55, SEQ ID N° 56, SEQ ID N° 57, SEQ ID N° 67, SEQ ID N° 66, SEQ ID N° 69, SEQ ID N° 70 et SEQ ID N° 71 et leurs séquences complémentaires.

20

L'invention concerne également l'utilisation d'un ligand spécifique d'un polypeptide ou d'un fragment nucléotidique tel que défini ci dessus pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou auto-immune.

25

Par ligand, on entend toute molécule susceptible de s'associer au polypeptide, tel que un anticorps monoclonal, un anticorps polyclonal, un récepteur, un substrat d'activité enzymatique, une enzyme dont ledit polypeptide est un co-facteur. La production d'anticorps polyclonaux et monoclonaux fait partie des connaissances générales de l'homme du métier. On peut citer à titre de référence Köhler G. et Milstein C. (1975) : Continuous culture of fused cells secreting antibody of predefined

30

peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B.

5 L'invention concerne également un nouveau polypeptide qui comprend au moins un fragment d'une protéine dont la séquence peptidique correspond à SEQ ID N° 9, ledit fragment présentant au moins une mutation, en particulier au moins deux mutations par rapport à la séquence de référence SEQ ID N° 8. Le polypeptide est avantagement choisi parmi les polypeptides qui comprennent la séquence en acides aminés FSWDNCFEGKDPVIR, référencée SEQ ID N° 68 et la séquence en acides aminés YSLPKSEFAVPDLELP, référencée SEQ ID N° 72.

En particulier, ledit polypeptide comprend ou consiste en SEQ ID N° 9. Ce polypeptide est utilisé pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou auto-immune, seul ou en
15 mélange avec au moins un polypeptide tel que défini précédemment.

L'un des objet de l'invention est également un fragment nucléotidique qui code pour le fragment de la protéine dont la séquence peptidique correspond à SEQ ID N° 9, ledit fragment de ladite protéine présentant au moins une mutation, en particulier
20 deux mutations par rapport à la séquence de référence SEQ ID N° 8. Ledit fragment nucléotidique, en particulier, comprend ou consiste en un fragment qui code pour SEQ ID N° 9. Ce fragment est utilisé pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou auto-immune, seul ou en
25 mélange avec au moins un fragment nucléotidique tel que défini précédemment.

L'invention a aussi pour objet un procédé pour détecter au moins un ligand associé à une maladie dégénérative et/ou auto-immune, dans un échantillon biologique, selon lequel on met en contact l'échantillon biologique avec au moins le polypeptide qui comprend ou consiste en SEQ ID N° 9 ou un mélange de polypeptides comprenant ce
30 polypeptide et au moins un polypeptide tel que décrit ci dessus, puis on détecte la formation d'un complexe ou de complexes entre le ou les polypeptides et le ou les

- Utilisation pour la préparation d'une composition pharmaceutique destinée au traitement d'une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, telle que la sclérose en plaques, de protéines recombinantes et/ou codées par tout ou partie des fragments nucléotidiques définis au paragraphe précédent ;

5 Avantageusement, ledit fragment nucléotidique utilisé code pour ladite protéine ;

De préférence, la séquence peptidique de ladite protéine à l'état natif consiste en une séquence choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 1 à 29, les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins
10 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B. Les
15 polypeptides sont préférentiellement choisis parmi SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24.

- Utilisation d'au moins un fragment nucléotidique, pour tester l'efficacité d'un agent thérapeutique pour un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune selon laquelle ledit fragment est un fragment d'une séquence nucléique choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 30, SEQ ID
20 N° 31, SEQ ID N° 32, SEQ ID N° 33, SEQ ID N° 34, SEQ ID N° 35, SEQ ID N° 36, SEQ ID N° 37, SEQ ID N° 38, SEQ ID N° 39, SEQ ID N° 40, SEQ ID N° 41, SEQ ID N° 42, SEQ ID N° 43, SEQ ID N° 44, SEQ ID N° 45, SEQ ID N° 46 et SEQ ID N° 47, SEQ ID N° 48, SEQ ID N° 49 et SEQ ID N° 50, SEQ ID N° 51, SEQ ID N° 52, SEQ ID N° 53, SEQ ID N° 54, SEQ ID N° 55, SEQ ID N° 56, SEQ ID N° 57, SEQ ID N°
25 66, SEQ ID N° 67, SEQ ID N° 69, SEQ ID N° 70, SEQ ID N° 71, et leurs séquences complémentaires.

- Utilisation d'au moins un fragment nucléotidique pour la préparation d'une composition pharmaceutique destinée au traitement d'une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, telle que la sclérose
30 en plaques selon laquelle ledit fragment est un fragment d'une séquence nucléique choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 30, SEQ ID N° 31, SEQ ID N° 32, SEQ

- GCCACGCCCCAGCCCGACAATGTCGAGTATATTATTATTAATATTATTATGAATTTTGTAA
 GAAACCGAGGCGATGCCACGCTTTGCTGCTACCGCCCTGGGCTGGACTGGAGGTGGGCATG
 CCACCTCACACACACAGCTGGGCAAAGCCACAAGGCTGGCCAGCAAGGCAGGTGGATG
 GGAGTGGGCACCTCAGAAAGTCACCAGGACTTGGGGTCAGGAACAGTGGCTGGGTGGGCC
 5 CAGAACTGCCCCACTGTCCCCCTACCCACCGATGGAGCCCCCAGATAGAGCTGGGTGGCC
 TGTTTCTGCAGCCCTTGGGCAGTTCTCACTCCTAGGAGAGCCAACCTCGGCTTGTGGGCTGG
 TGCCCCACAGCTACCTGAGACGGGCATCGCAGGAGTCTCTGCCACCCACTCAGGATTGGGA
 ATTGTCTTTAGTGCCGGCTGTGGAGCAAAGGCAGCTCACCCCTGGGCAGGCGGTCCCCAT
 CCCCACCAGCTCGTTTTTCAGCACCCCCACCCACCTCCACCCAGCCCCCTGGCACCTCCTCTG
 10 GCAGACTCCCCCTCCTACCACGTCTCCTGGCCTGCATTCCCACCCCTCCTGCCAGCACAC
 AGCCTGGGGTCCCTCCCTCAGGGGCTGTAAGGGAAGGCCACCCCAACTCTTACCAGGAGC
 TGCTACAGGCAGAGCCAGCACTGATAGGGCCCCGCCACCGGGCCCCGCCACCCAGGC
 CACATCCCCACCCATCTGGAAGTGAAGGCCAGGGACTCCTCCAACAGACAACGGACGGAC
 GGATGCCGCTGGTGTCTCAGGAAGAGCTAGTGCCTTAGGTGGGGGAAGGCAGGACTCACGA
 15 CTGAGAGAGAGAGAGGGGGATATGACCACCCCTGCCCCATCTGCAGGAGCCTGAAGATCC
 AGCTCAAGTGCCATCCTGCCAGTGGCCCCCAGACTGTGGGGTTGGGACGCCTGGCCTCTGT
 GTCCTAGAAGGGACCCCTCCTGTGGTCTTTGTCTTGATTTTCTTAATAAACGGTGCTATCCC
 CGCC
- 20 **GM2 activateur**
 SEQ ID 58 IPTGEPCPEP LRTYG
 SEQ ID 59 IESVLSSSGK RLG
 SEQ ID 60 ATPAQHLKK PSQLSSFS
- 25 **Saposine B**
 SEQ ID 61 RIQAMIPKGA LRVAV
 SEQ ID 62 GICQCLAERY SVILL
- Calgranuline B**
 30 SEQ ID 63 EKMHEGDEGP GHHHKPG
 SEQ ID 64 DLQNFLKKEN KNE
 SEQ ID 65 VKLGHPDTLN QGEFELVR
- 35 **Peptide muté 1**
 SEQ ID N° 68 FSWDNCFEGK DPAVIR
- SEQ ID N°66 TTYWSNTGGG AYAAYTGYTT YGARGGNAAR GAYCCNGCNG TNATHMGN
- 40 **Peptide muté 2**
 SEQ ID N° 72 YSLPKSEFAV PDLELP
- 45 **SEQ ID N°67 TAYWSNYTNC CNAARWSNGA RTTYGCNGTN CCNGAYYTNG ARYTNCN**
- SEQ ID N° 69 > NAME = 'Reverse-Translation of PERLECAN' : TYPE = DNA
 GAYGCNCCNGGNCARTAYGGNGCNTAYTTYCAYGAYGGNTTTYTNGCNTTYCCNGGN
 CAYGTNTTYWSNMGNWSNYTNCCNGARGTNCCNGARACNATHGARYTNGARGTNMGNACN
 50 WSNACNGCNWSNGGNYTNYTNTTGGCARGGNGTNGARGTNGGNGARGCNGGNCARGGN
 AARGAYTTYATHWSNYTNGGNYTNCARGAYGGNCAYYTNGTNTTYMGNTAYCARYTNGGN
 WSNGGNGARGCNMGNYTNGTNWSNGARGAYCCNATHAAYGAYGGNGARTGGCAYMGNGT
 NACNGCNYTNGMNGARGGNGMNGMNGGNGWSNMGNARGTNAYGGNGARGARYTNGTN
 WSNGGNMGNWSNCCNGGNCNAAYGTNGCNGTNAAYGCNAARGGNWSNGTNTAYATHGG

9. Utilisation selon la revendication 8, caractérisée en ce que ledit fragment nucléotidique code pour ladite protéine.

10. Utilisation selon la revendication 9, caractérisée en ce que la séquence peptidique de ladite protéine à l'état natif consiste en une séquence choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 1 à 8 et SEQ ID N° 10 à 29 et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B.

10

11. Utilisation d'au moins un fragment nucléotidique pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune selon laquelle ledit fragment est un fragment d'une séquence nucléique choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 30, SEQ ID N° 31, SEQ ID N° 32, SEQ ID N° 33, SEQ ID N° 34, SEQ ID N° 35, SEQ ID N° 36, SEQ ID N° 37, SEQ ID N° 38, SEQ ID N° 39, SEQ ID N° 40, SEQ ID N° 41, SEQ ID N° 42, SEQ ID N° 43, SEQ ID N° 44, SEQ ID N° 45, SEQ ID N° 46 et SEQ ID N° 47, SEQ ID N° 48, SEQ ID N° 49 et SEQ ID N° 50, SEQ ID N° 51, SEQ ID N° 52, SEQ ID N° 53, SEQ ID N° 54, SEQ ID N° 55, SEQ ID N° 56, SEQ ID N° 57, SEQ ID N° 67, SEQ ID N° 66, SEQ ID N° 69, SEQ ID N° 70 et SEQ ID N° 71 et leurs séquences complémentaires.

12. Utilisation d'un ligand spécifique d'un polypeptide ou d'un fragment nucléotidique selon l'une quelconque des revendications précédentes pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune.

25

21. Procédé selon l'une quelconque des revendications 14 à 20, caractérisé en ce que la maladie dégénérative et/ou auto-immune est la sclérose en plaques.

22. Polypeptide caractérisé en ce qu'il comprend au moins un fragment
5 d'une protéine dont la séquence peptidique correspond à SEQ ID N° 9, ledit fragment comprenant au moins une mutation par rapport à la séquence de référence SEQ ID N° 8.

23. Polypeptide selon la revendication 22, caractérisé en ce qu'il comprend au moins deux mutations par rapport à la séquence de référence SEQ ID N° 8.

10

24. Polypeptide selon la revendication 22, caractérisé en ce qu'il est choisi parmi les polypeptides qui comprennent la séquence en acides aminés FSWDNCFEKGKDPVIR, référencée SEQ ID N° 68 et la séquence en acides aminés YSLPKSEFAVPDLELP, référencée SEQ ID N° 72.

15

25. Polypeptide selon l'une des revendications 22 à 24, caractérisé en ce qu'il comprend une protéine dont la séquence peptidique correspond à SEQ ID N° 9.

26. Polypeptide selon l'une des revendications 22 à 25, caractérisé en ce
20 qu'il consiste en une protéine dont la séquence peptidique correspond à SEQ ID N° 9.

27. Utilisation d'au moins un polypeptide selon l'une quelconque des revendications 22 à 26 pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un
25 état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune.

28. Utilisation selon la revendication 26, caractérisée en ce que le polypeptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 22 à 26 est utilisé en
30 mélange avec au moins un polypeptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 1 à 5.



70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B.

50. Utilisation selon la revendication 49, caractérisée en ce que les polypeptides sont choisis parmi SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24.

10

51. Utilisation d'au moins un fragment nucléotidique, pour tester l'efficacité d'un agent thérapeutique pour un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune selon laquelle ledit fragment est un fragment d'une séquence nucléique choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 30, SEQ ID N° 31, SEQ ID N° 32, SEQ ID N° 33, SEQ ID N° 34, SEQ ID N° 35, SEQ ID N° 36, SEQ ID N° 37, SEQ ID N° 38, SEQ ID N° 39, SEQ ID N° 40, SEQ ID N° 41, SEQ ID N° 42, SEQ ID N° 43, SEQ ID N° 44, SEQ ID N° 45, SEQ ID N° 46 et SEQ ID N° 47, SEQ ID N° 48, SEQ ID N° 49 et SEQ ID N° 50, SEQ ID N° 51, SEQ ID N° 52, SEQ ID N° 53, SEQ ID N° 54, SEQ ID N° 55, SEQ ID N° 56, SEQ ID N° 57, SEQ ID N° 66, SEQ ID N° 67, SEQ ID N° 69, SEQ ID N° 70, SEQ ID N° 71, et leurs séquences complémentaires.

52. Utilisation d'au moins un fragment nucléotidique pour la préparation d'une composition pharmaceutique destinée au traitement d'une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, telle que la sclérose en plaques selon laquelle ledit fragment est un fragment d'une séquence nucléique choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 30, SEQ ID N° 31, SEQ ID N° 32, SEQ ID N° 33, SEQ ID N° 34, SEQ ID N° 35, SEQ ID N° 36, SEQ ID N° 37, SEQ ID N° 38, SEQ ID N° 39, SEQ ID N° 40, SEQ ID N° 41, SEQ ID N° 42, SEQ ID N° 43, SEQ ID N° 44, SEQ ID N° 45, SEQ ID N° 46 et SEQ ID N° 47, SEQ ID N° 48, SEQ ID N° 49 et SEQ ID N° 50, SEQ ID N° 51, SEQ ID N° 52, SEQ ID N° 53, SEQ ID N° 54, SEQ ID N° 55, SEQ ID N°

56, SEQ ID N° 57, SEQ ID N° 66, SEQ ID N° 67, SEQ ID N° 69, SEQ ID N° 70 , SEQ ID N° 71, et leurs séquences complémentaires.

53. Utilisation selon la revendication 51 ou 52, caractérisée en ce que la
5 séquence nucléique est choisie parmi SEQ ID N° 30, 31, 42, 53.

54. Utilisation de la lycorine pour la préparation d'une composition pour la
prévention et/ou le traitement de maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-
immune.

Avantageusement les cinq polypeptides qui répondent à la définition précédente sont utilisés en combinaison.

De préférence, la séquence peptidique dudit polypeptide comprend, ou consiste en une séquence choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 17 et SEQ ID N° 24.

L'invention concerne encore l'utilisation *d'au moins* un fragment d'un des polypeptiques précités pour la préparation d'un peptide immunogène, ledit peptide comprenant tout ou partie d'au moins une des séquences référencées SEQ ID N°s 58 à 65 et étant utilisé pour la production d'anticorps monoclonaux.

L'invention a également pour objet, l'utilisation *d'au moins* un fragment nucléotidique, pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou auto-immune, selon laquelle ledit fragment nucléotidique est choisi parmi des fragments qui codent pour au moins un fragment d'une protéine, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5, SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ ID N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N° 20, SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID N° 28 ET SEQ ID N° 29 et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité, de préférence au moins 80 % et avantageusement au moins 98 % d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques ci dessus, et les fragments complémentaires desdits fragments, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B. Il est à la portée de l'homme du métier de déterminer les séquences nucléiques des fragments nucléotidiques à partir des séquences peptidiques et du code génétique, ceci faisant partie de ses connaissances générales.

Avantageusement, le fragment nucléotidique précité code pour ladite protéine.

peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B.

De préférence, l'échantillon biologique est l'urine, le liquide de céphalo-
5 rachidien ou le sérum.

L'invention concerne également un nouveau polypeptide qui comprend au moins un fragment d'une protéine dont la séquence peptidique correspond à SEQ ID N° 9, ledit fragment présentant au moins une mutation, en particulier au moins deux mutations par rapport à la séquence de référence SEQ ID N° 8. Le polypeptide est
10 avantageusement choisi parmi les polypeptides qui comprennent la séquence en acides aminés FSWDNCFEGKDPVIR, référencée SEQ ID N° 68 et la séquence en acides aminés YSLPKSEFAVPDLELP, référencée SEQ ID N° 69.

En particulier, ledit polypeptide comprend ou consiste en SEQ ID N° 9. Ce polypeptide est utilisé pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un
15 état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou auto-immune, seul ou en mélange avec au moins un polypeptide tel que défini précédemment.

L'un des objet de l'invention est également un fragment nucléotidique qui code pour le fragment de la protéine dont la séquence peptidique correspond à SEQ ID
20 N° 9, ledit fragment de ladite protéine présentant au moins une mutation, en particulier deux mutations par rapport à la séquence de référence SEQ ID N° 8. Ledit fragment nucléotidique, en particulier, comprend ou consiste en un fragment qui code pour SEQ ID N° 9. Ce fragment est utilisé pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, prévenir ou traiter un
25 état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou auto-immune, seul ou en mélange avec au moins un fragment nucléotidique tel que défini précédemment.

L'invention a aussi pour objet un procédé pour détecter au moins un ligand associé à une maladie dégénérative et/ou auto-immune, dans un échantillon biologique, selon lequel on met en contact l'échantillon biologique avec au moins le polypeptide qui
30 comprend ou consiste en SEQ ID N° 9 ou un mélange de polypeptides comprenant ce polypeptide et au moins un polypeptide tel que décrit ci dessus, puis on détecte la

formation d'un complexe ou de complexes entre le ou les polypeptides et le ou les ligands correspondants ; étant entendu que par ligand on entend une molécule qui répond aux conditions précitées.

L'invention concerne également un procédé pour détecter au moins le
5 polypeptide référence SEQ ID N° 9 ou un fragment dudit polypeptide, ce fragment
comprenant au moins une et de préférence deux mutations par rapport à la séquence de
référence SEQ ID N°8, dans un échantillon biologique selon lequel on met en contact
l'échantillon biologique avec au moins un ligand spécifique dudit polypeptide, puis on
détecte la formation d'un complexe entre ledit polypeptide et ledit ligand. La définition
10 de ligand correspond à celle définie précédemment. Il peut s'agir entre autres d'un
anticorps monoclonal , d'un anticorps polyclonal, d'un substrat d'activité enzymatique,
ou d'une enzyme dont ledit polypeptide est un cofacteur, d'un récepteur.

On peut également mettre en contact l'échantillon biologique avec un ligand
spécifique du polypeptide référence SEQ ID N°9 et au moins un ligand spécifique d'au moins un
15 autre polypeptide tel que défini précédemment, puis on détecte la formation de complexes entre
lesdits polypeptides et lesdits ligands spécifiques desdits polypeptides ; étant entendu que par
ligand on entend une molécule qui répond aux conditions décrites précédemment.

De préférence, l'échantillon biologique est l'urine, le liquide de céphalo-
rachidien ou le sérum.

20 Un autre objet de l'invention est un fragment nucléotidique codant pour tout ou
partie du polypeptide SEQ ID N° 9, et son utilisation pour obtenir une composition diagnostique,
pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou
traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou auto-immune,
éventuellement en association avec au moins un fragment nucléotidique tel que défini
25 précédemment, et les fragments complémentaires desdits fragments.

Par fragment polypeptidique, on entend au moins tout ou partie de la
séquence peptidique d'une protéine, en particulier un fragment polypeptique qui
comprend environ entre 5 et 15 acides aminés et plus précisément environ entre 5 et 10
acides aminés et 6 et 15 acides aminés. Et par fragment nucléotidique, on entend au
30 moins tout ou partie d'une séquence nucléotidique, étant entendu que par séquence
nucléotidique, sont couvertes les séquences ADN et ARN.

ID N° 33, SEQ ID N° 34, SEQ ID N° 35, SEQ ID N° 36, SEQ ID N° 37, SEQ ID N° 38, SEQ ID N° 39, SEQ ID N° 40, SEQ ID N° 41, SEQ ID N° 42, SEQ ID N° 43, SEQ ID N° 44, SEQ ID N° 45, SEQ ID N° 46 et SEQ ID N° 47, SEQ ID N° 48, SEQ ID N° 49 et SEQ ID N° 50, SEQ ID N° 51, SEQ ID N° 52, SEQ ID N° 53, SEQ ID N° 54, SEQ ID N° 55, SEQ ID N° 56, SEQ ID N° 57, SEQ ID N° 66, SEQ ID N° 67, SEQ ID N° 69, SEQ ID N° 70, SEQ ID N° 71, et leurs séquences complémentaires.

La séquence nucléique est de préférence choisie parmi SEQ ID N° 30, 31, 42, 53.

10 - Utilisation de la lycorine pour la préparation d'une composition pour la prévention et/ou le traitement de maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune.

Par efficacité thérapeutique, on entend le bénéfice clinique et biologique acquis après administration d'un agent thérapeutique en vue d'une amélioration, voire d'une guérison de la maladie. Ce bénéfice se traduit entre autre par une diminution des signes cliniques, biologiques, et des effets pathologiques de la maladie après une analyse clinique par le médecin et/ou des analyses biologiques, telles que imagerie par résonance magnétique, analyse des bandes oligoclonales dans le liquide céphalorachidien, analyse de potentiels évoqués et le test de détection de gliotoxicité appelé bio-essai, dont le principe est décrit dans la demande de brevet WO 98/11439 précédemment citée. Cette diminution des signes cliniques et effets pathologiques doit entraîner un bénéfice pour le patient (Schwartz et Lazar, 1995, Elements de statistique médicale et biologique, eds Flammarion ; Lazar et Schwartz, 1995, Eléments de statistique médicale et biologique, eds Flammarion). La maladie étudiée de préférence est la sclérose en plaques.

On entend par composition à usage prophylactique et/ou thérapeutique, toute composition qui comprend un agent thérapeutiquement efficace. Ces agents thérapeutiques sont capables (i) d'influencer de manière qualitative et/ou quantitative l'activité biologique et/ou la fonction des protéines d'intérêt identifiées dans la présente invention, de préférence l'activité gliotoxique et/ou (ii) de moduler et/ou d'inhiber l'expression de ces protéines et/ou (iii) de diminuer la concentration de ces protéines

REVENDICATIONS

1. Utilisation d'au moins un polypeptide comprenant au moins un fragment
5 d'une protéine pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique
ou thérapeutique destinée à détecter, prévenir ou traiter un état pathologique associé à
une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, ladite protéine étant
choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ
ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5, SEQ ID N° 6, SEQ
10 ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13,
SEQ ID N° 14, SEQ ID N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID
N° 19, SEQ ID N° 20, SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24,
SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID N° 28 et SEQ ID N° 29, et les
séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité, de préférence au moins
15 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 % d'identité avec l'une quelconque des
séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à SEQ ID N° 8 et SEQ ID N° 10 à SEQ ID N° 29,
et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une
même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine
plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de
20 la calgranuline B et de la saposine B.

2. Utilisation d'au moins deux polypeptides en combinaison, lesdits
polypeptides comprenant chacun au moins un fragment d'une protéine, pour obtenir une
composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à
25 détecter, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative
et/ou neurologique et/ou auto-immune, ladite protéine étant choisie parmi les protéines
dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à une séquence peptidique choisie
parmi SEQ ID N° 1 à SEQ ID N° 8 et SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 29, et les séquences
peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité, de préférence au moins 80 %
30 d'identité et avantageusement au moins 98 % d'identité avec l'une quelconque des
séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à SEQ ID N° 8 et SEQ ID N° 10 à SEQ ID N° 29,

et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B.

5

3. Utilisation d'au moins un polypeptide comprenant au moins un fragment d'une protéine pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, ladite protéine étant
10 choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 17 et SEQ ID N° 24 et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité, de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 % d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 17 et
15 SEQ ID N° 24.

4. Utilisation selon la revendication 3, de cinq polypeptides en combinaison, lesdits polypeptides comprenant chacun au moins un fragment d'une protéine, pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou
20 thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 17 et SEQ ID N° 24 et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité, de préférence
25 au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 % d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 17 et SEQ ID N° 24.

5. Utilisation selon l'une quelconque des revendications 1 à 4, caractérisée
30 en ce que la séquence peptidique dudit polypeptide comprend une séquence choisie

parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 17 et SEQ ID N° 24.

5 6. Utilisation selon l'une quelconque des revendications 1 à 4, caractérisée en ce que la séquence peptidique dudit polypeptide consiste en une séquence choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 17 et SEQ ID N° 24.

10 7. Utilisation d'un fragment polypeptidique défini dans la revendication 1 ou dans la revendication 3 pour la préparation d'un peptide immunogène, caractérisé en ce que ledit peptide comprend tout ou partie d'au moins une des séquences référencée SEQ ID N° 58 à 65.

15 8. Utilisation d'au moins un fragment nucléotidique, pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, selon laquelle ledit fragment nucléotidique est choisi parmi des fragments qui codent pour au moins un fragment d'une protéine, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence
20 peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5, SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ ID N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N° 20, SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID
25 N° 27, SEQ ID N° 28 et SEQ ID N° 29 et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité, de préférence au moins 80 % et avantageusement au moins 98 % d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à SEQ ID N° 8 et SEQ ID N° 10 à 29, les fragments complémentaires desdits fragments et les fragments qui codent pour les séquences peptidiques ou les fragments desdites
30 séquences appartenant à une même famille de protéines choisie parmi le perlecan, le

précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B.

9. Utilisation selon la revendication 8, caractérisée en ce que ledit fragment
5 nucléotidique code pour ladite protéine.

10. Utilisation selon la revendication 9, caractérisée en ce que la séquence
peptidique de ladite protéine à l'état natif consiste en une séquence choisie parmi l'une
quelconque des SEQ ID N° 1 à 8 et SEQ ID N° 10 à 29 et les séquences peptidiques ou
10 les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies
parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du
précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B.

11. Utilisation d'au moins un fragment nucléotidique pour obtenir une
15 composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à
détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie
dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune selon laquelle ledit fragment est un
fragment d'une séquence nucléique choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 30,
SEQ ID N° 31, SEQ ID N° 32, SEQ ID N° 33, SEQ ID N° 34, SEQ ID N° 35, SEQ ID
20 N° 36, SEQ ID N° 37, SEQ ID N° 38, SEQ ID N° 39, SEQ ID N° 40, SEQ ID N° 41,
SEQ ID N° 42, SEQ ID N° 43, SEQ ID N° 44, SEQ ID N° 45, SEQ ID N° 46 et SEQ
ID N° 47, SEQ ID N° 48, SEQ ID N° 49 et SEQ ID N° 50, SEQ ID N° 51, SEQ ID N°
52, SEQ ID N° 53, SEQ ID N° 54, SEQ ID N° 55, SEQ ID N° 56, SEQ ID N° 57,
SEQ ID N° 67, SEQ ID N° 68, SEQ ID N° 69, SEQ ID N° 70 et SEQ ID N° 71 et leurs
25 séquences complémentaires.

12. Utilisation d'un ligand spécifique d'un polypeptide ou d'un fragment
nucléotidique selon l'une quelconque des revendications précédentes pour obtenir une
composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à
30 détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie
dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune.

13. Utilisation selon l'une quelconque des revendications précédentes, caractérisée en ce que la maladie dégénérative et/ou auto-immune est la sclérose en plaques.

5

14. Procédé pour détecter au moins une protéine associée à une maladie dégénérative et/ou auto-immune, dans un échantillon biologique, caractérisé en ce que l'on met en contact l'échantillon biologique avec au moins un ligand spécifique d'au moins un polypeptide, ledit polypeptide comprenant au moins un fragment d'une
10 protéine et ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5, SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ ID N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N° 20, SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22,
15 SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID N° 28 et SEQ ID N° 29 et les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à SEQ ID N° 8 et SEQ ID N° 10 à 29, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites
20 séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B, puis on détecte la formation d'un complexe entre ledit polypeptide et ledit ligand.

25

15. Procédé selon la revendication 14, caractérisé en ce que ledit ligand est un anticorps monoclonal, un anticorps polyclonal, un récepteur, un substrat d'activité enzymatique ou une enzyme dont ledit polypeptide est un cofacteur.

30

16. Procédé pour détecter au moins un ligand associé à une maladie dégénérative et/ou auto-immune, dans un échantillon biologique, caractérisé en ce que l'on met en contact l'échantillon biologique avec au moins un polypeptide comprenant

au moins un fragment d'une protéine, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5 SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ ID N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N° 20, SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID N° 28 et SEQ ID N° 29, les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité, de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 % d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à SEQ ID N° 8 et SEQ ID N° 10 à SEQ ID N° 29, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisie parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B, puis on détecte la formation d'un complexe entre ledit polypeptide et ledit ligand.

17. Procédé selon la revendication 16, caractérisé en ce que le ligand est un anticorps, un récepteur, un substrat d'activité enzymatique ou une enzyme dont ledit polypeptide est un cofacteur.

20

18. Procédé selon l'une quelconque des revendications 14 à 17, caractérisé en ce que la séquence dudit polypeptide comprend une séquence peptidique choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 1 à 8 et SEQ ID N° 10 à 29.

25

19. Procédé selon l'une quelconque des revendications 14 à 17, caractérisé en ce que la séquence dudit polypeptide consiste en une séquence peptidique choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 1 à 8 et SEQ ID N° 10 à 29.

20. Procédé selon l'une quelconque des revendications 14 à 19, caractérisé en ce que l'échantillon biologique est l'urine, le liquide céphalo-rachidien ou le sérum.

30

21. Procédé selon l'une quelconque des revendications 14 à 20, caractérisé en ce que la maladie dégénérative et/ou auto-immune est la sclérose en plaques.

22. Polypeptide caractérisé en ce qu'il comprend au moins un fragment
5 d'une protéine dont la séquence peptidique correspond à SEQ ID N° 9, ledit fragment comprenant au moins une mutation par rapport à la séquence de référence SEQ ID N° 8.

23. Polypeptide selon la revendication 22, caractérisé en ce qu'il comprend au moins deux mutations par rapport à la séquence de référence SEQ ID N° 8.

10

24. Polypeptide selon la revendication 22, caractérisé en ce qu'il est choisi parmi les polypeptides qui comprennent la séquence en acides aminés FSWDNCFEGKDPAVIR, référencée SEQ ID N° 68 et la séquence en acides aminés YSLPKSEFAVPDLELP, référencée SEQ ID N° 69.

15

25. Polypeptide selon l'une des revendications 22 à 24, caractérisé en ce qu'il comprend une protéine dont la séquence peptidique correspond à SEQ ID N° 9.

26. Polypeptide selon l'une des revendications 22 à 24, caractérisé en ce
20 qu'il consiste en une protéine dont la séquence peptidique correspond à SEQ ID N° 9.

27. Utilisation d'au moins un polypeptide selon l'une quelconque des revendications 22 à 26 pour obtenir une composition diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter, pronostiquer, prévenir ou traiter un
25 état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune.

28. Utilisation selon la revendication 27, caractérisée en ce que le polypeptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 22 à 26 est utilisé en
30 mélange avec au moins un polypeptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 1 à 5.

29. Procédé pour détecter au moins un ligand associé à une maladie dégénérative et/ou auto-immune, dans un échantillon biologique, caractérisé en ce que l'on met en contact l'échantillon biologique avec au moins un polypeptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 22 à 26, puis on détecte la formation d'un complexe entre ledit polypeptide et le ligand.

30. Procédé selon la revendication 29, caractérisé en ce que l'on met en contact l'échantillon biologique avec un polypeptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 22 à 26 et avec au moins un polypeptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 1 à 5.

31. Procédé selon la revendication 29 ou 30, caractérisé en ce que ledit ligand est un anticorps, un récepteur, un substrat d'activité enzymatique ou une enzyme dont ledit polypeptide est un cofacteur.

32. Procédé pour détecter au moins un polypeptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 22 à 26 dans un échantillon biologique caractérisé en ce que l'on met en contact l'échantillon biologique avec au moins un ligand spécifique dudit polypeptide, puis on détecte la formation d'un complexe entre ledit polypeptide et ledit ligand.

33. Procédé selon la revendication 32, caractérisé en ce que ledit ligand est anticorps monoclonal, un anticorps polyclonal, un récepteur, un substrat d'activité enzymatique ou une enzyme dont ledit polypeptide est un cofacteur.

34. Procédé selon la revendication 32 ou 33, caractérisé en ce que l'on met en contact l'échantillon biologique avec un ligand tel que défini dans l'une quelconque des revendications 31 et 33 et au moins un ligand spécifique d'au moins un polypeptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 1 à 5, puis on détecte la

formation de complexes entre lesdits polypeptides et lesdits ligands spécifiques desdits polypeptides.

35. Procédé selon la revendication 34, caractérisé en ce que le ligand est un
5 anticorps monoclonal, un anticorps polyclonal, un récepteur, un substrat d'activité enzymatique ou une enzyme dont ledit polypeptide est un cofacteur.

36. Fragment nucléotidique caractérisé en ce qu'il code pour un
polypeptide tel que défini dans l'une quelconque des revendications 22 à 26.

10

37. Utilisation d'un fragment nucléotidique pour obtenir une composition
diagnostique, pronostique, prophylactique ou thérapeutique destinée à détecter,
pronostiquer, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie
dégénérative et/ou auto-immune, selon laquelle ledit fragment nucléotidique est le
15 fragment nucléotidique défini dans la revendication 36, éventuellement en association
avec au moins un fragment nucléotidique tel que défini dans l'une quelconque des
revendications 8 à 11, et les fragments complémentaires desdits fragments.

38. Procédé selon l'une quelconque des revendications 29 à 35, caractérisé
20 en ce que l'échantillon biologique est l'urine, le liquide céphalo-rachidien ou le sérum.

39. Procédé selon l'une quelconque des revendications 29 à 35 caractérisé
en ce que la maladie dégénérative et/ou auto-immune est la sclérose en plaques.

25 40. Procédé pour détecter au moins un polypeptide tel que défini dans l'une
quelconque des revendications 1 à 5 ou dans l'une quelconque des revendications 22 à
26, selon lequel on prélève un échantillon d'un fluide biologique d'un patient présentant
un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-
immune et éventuellement après purification dudit échantillon de fluide biologique, on
30 analyse par spectrométrie de masse le profil de masse obtenu à partir du fluide
biologique et on compare à un profil de masse de référence.

41. Utilisation d'au moins un polypeptide comprenant au moins un fragment d'une protéine pour tester l'efficacité d'un agent thérapeutique, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à

5 SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5, SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 9, SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ ID N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N° 20, SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID N° 28 et

10 SEQ ID N° 29, les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisie parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au

15 rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B.

42. Utilisation d'au moins un polypeptide comprenant au moins un fragment d'une protéine pour la préparation d'une composition pharmaceutique destinée

20 au traitement d'une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, telle que la sclérose en plaques, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5, SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 9, SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ

25 ID N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N° 20, SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID N° 28 et SEQ ID N° 29, les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des

30 séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisie parmi le

perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline et de la saposine.

43. Utilisation selon la revendication 41 ou 42, caractérisée en ce que le
5 polypeptide est choisi parmi SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24.

44. Utilisation d'au moins un fragment nucléotidique, pour tester
l'efficacité d'un agent thérapeutique pour un état pathologique associé à une maladie
dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, selon laquelle ledit fragment
10 nucléotidique est choisi parmi les fragments qui codent pour au moins un fragment
d'une protéine, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence
peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ
ID N° 4, SEQ ID N° 5, SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 9, SEQ
ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ ID N°
15 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N° 20,
SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID
N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID N° 28 et SEQ ID N° 29, les séquences peptidiques qui
présentent au moins 70 % d'identité, de préférence au moins 80 % et avantageusement
au moins 98 % d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N°
20 1 à 29, et les fragments complémentaires desdits fragments et les fragments qui codent
pour les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une
même famille de protéines choisie parmi le perlecan, le précurseur de la protéine
plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de
la calgranuline B et de la saposine B.

25

45. Utilisation pour tester l'efficacité d'un agent thérapeutique pour un
état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-
immune, de protéines recombinantes et/ou codées par tout ou partie des fragments
nucléotidiques définis à la revendication 44.

30

46. Utilisation d'au moins un fragment nucléotidique pour la préparation d'une composition pharmaceutique destinée au traitement d'une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, telle que la sclérose en plaques, selon laquelle ledit fragment nucléotidique est choisi parmi des fragments qui codent pour au moins un
5 fragment d'une protéine, ladite protéine étant choisie parmi les protéines dont la séquence peptidique à l'état natif correspond à SEQ ID N° 1, SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3, SEQ ID N° 4, SEQ ID N° 5, SEQ ID N° 6, SEQ ID N° 7, SEQ ID N° 8, SEQ ID N° 9, SEQ ID N° 10, SEQ ID N° 11, SEQ ID N° 12, SEQ ID N° 13, SEQ ID N° 14, SEQ ID N° 15, SEQ ID N° 16, SEQ ID N° 17, SEQ ID N° 18, SEQ ID N° 19, SEQ ID N°
10 20, SEQ ID N° 21, SEQ ID N° 22, SEQ ID N° 23, SEQ ID N° 24, SEQ ID N° 25, SEQ ID N° 26, SEQ ID N° 27, SEQ ID N° 28 et SEQ ID N° 29, les séquences peptidiques qui présentent au moins 70 % d'identité, de préférence au moins 80 % et avantageusement au moins 98 % d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, et les fragments complémentaires desdits fragments et
15 les fragments qui codent pour les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisie parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B.

20 47. Utilisation pour la préparation d'une composition pharmaceutique destinée au traitement d'une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, telle que la sclérose en plaques, de protéines recombinantes et/ou codées par tout ou partie des fragments nucléotidiques définis à la revendication 46.

25 48. Utilisation selon la revendication 44 ou 46, caractérisée en ce que ledit fragment nucléotidique code pour ladite protéine.

49. Utilisation selon la revendication 48, caractérisée en ce que la séquence peptidique de ladite protéine à l'état natif consiste en une séquence choisie parmi l'une
30 quelconque des SEQ ID N° 1 à 29, les séquences peptidiques qui présentent au moins

70 % d'identité de préférence au moins 80 % d'identité et avantageusement au moins 98 d'identité avec l'une quelconque des séquences peptidiques SEQ ID N° 1 à 29, et les séquences peptidiques ou les fragments desdites séquences appartenant à une même famille de protéines choisies parmi le perlecan, le précurseur de la protéine plasmatique de liaison au rétinol, du précurseur de l'activateur du ganglioside GM2, de la calgranuline B et de la saposine B.

50. Utilisation selon la revendication 49, caractérisée en ce que les polypeptides sont choisis parmi SEQ ID N° 2, 4, 8, 9, 17, 24.

10

51. Utilisation d'au moins un fragment nucléotidique, pour tester l'efficacité d'un agent thérapeutique pour un état pathologique associé à une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune selon laquelle ledit fragment est un fragment d'une séquence nucléique choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 30, SEQ ID N° 31, SEQ ID N° 32, SEQ ID N° 33, SEQ ID N° 34, SEQ ID N° 35, SEQ ID N° 36, SEQ ID N° 37, SEQ ID N° 38, SEQ ID N° 39, SEQ ID N° 40, SEQ ID N° 41, SEQ ID N° 42, SEQ ID N° 43, SEQ ID N° 44, SEQ ID N° 45, SEQ ID N° 46 et SEQ ID N° 47, SEQ ID N° 48, SEQ ID N° 49 et SEQ ID N° 50, SEQ ID N° 51, SEQ ID N° 52, SEQ ID N° 53, SEQ ID N° 54, SEQ ID N° 55, SEQ ID N° 56, SEQ ID N° 57, SEQ ID N° 66, SEQ ID N° 67, SEQ ID N° 68, SEQ ID N° 69, SEQ ID N° 70, SEQ ID N° 71, et leurs séquences complémentaires.

52. Utilisation d'au moins un fragment nucléotidique pour la préparation d'une composition pharmaceutique destinée au traitement d'une maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-immune, telle que la sclérose en plaques selon laquelle ledit fragment est un fragment d'une séquence nucléique choisie parmi l'une quelconque des SEQ ID N° 30, SEQ ID N° 31, SEQ ID N° 32, SEQ ID N° 33, SEQ ID N° 34, SEQ ID N° 35, SEQ ID N° 36, SEQ ID N° 37, SEQ ID N° 38, SEQ ID N° 39, SEQ ID N° 40, SEQ ID N° 41, SEQ ID N° 42, SEQ ID N° 43, SEQ ID N° 44, SEQ ID N° 45, SEQ ID N° 46 et SEQ ID N° 47, SEQ ID N° 48, SEQ ID N° 49 et SEQ ID N° 50, SEQ ID N° 51, SEQ ID N° 52, SEQ ID N° 53, SEQ ID N° 54, SEQ ID N° 55, SEQ ID N°

FEUILLE RECTIFIÉE

56, SEQ ID N° 57, SEQ ID N° 66, SEQ ID N°67, SEQ ID N° 68, SEQ ID N° 69, SEQ ID N°70 , SEQ ID N° 71, et leurs séquences complémentaires.

53. Utilisation selon la revendication 51 ou 52, caractérisée en ce que la
5 séquence nucléique est choisie parmi SEQ ID N° 30, 31, 42, 53.

54. Utilisation de la lycorine pour la préparation d'une composition pour la
prévention et/ou le traitement de maladie dégénérative et/ou neurologique et/ou auto-
immune.

LISTE DE SEQUENCES

<110> BIOMERIEUX STELHYS

<120> Utilisation d'un polypeptide pour détecter, prévenir ou traiter un état pathologique associé à une maladie dégénérative, neurologique ou auto-immune

<130> SEP22

<140> FR9909372

<141> 1999-07-15

<160> 72

<170> PatentIn Ver. 2.1

<210> 1

<211> 4393

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1

Met Gly Trp Arg Ala Pro Gly Ala Leu Leu Leu Ala Leu Leu Leu His
1 5 10 15

Gly Arg Leu Leu Ala Val Thr His Gly Leu Arg Ala Tyr Asp Gly Leu
20 25 30

Ser Leu Pro Glu Asp Ile Glu Thr Val Thr Ala Ser Gln Met Arg Trp
35 40 45

Thr His Ser Tyr Leu Ser Asp Asp Glu Asp Met Leu Ala Asp Ser Ile
50 55 60

Ser Gly Asp Asp Leu Gly Ser Gly Asp Leu Gly Ser Gly Asp Phe Gln
65 70 75 80

Met Val Tyr Phe Arg Ala Leu Val Asn Phe Thr Arg Ser Ile Glu Tyr
85 90 95

Ser Pro Gln Leu Glu Asp Ala Gly Ser Arg Glu Phe Arg Glu Val Ser
100 105 110

Glu Ala Val Val Asp Thr Leu Glu Ser Glu Tyr Leu Lys Ile Pro Gly
115 120 125

Asp Gln Val Val Ser Val Val Phe Ile Lys Glu Leu Asp Gly Trp Val
130 135 140

Phe Val Glu Leu Asp Val Gly Ser Glu Gly Asn Ala Asp Gly Ala Gln
145 150 155 160

Ile Gln Glu Met Leu Leu Arg Val Ile Ser Ser Gly Ser Val Ala Ser
165 170 175

Tyr Val Thr Ser Pro Gln Gly Phe Gln Phe Arg Arg Leu Gly Thr Val
180 185 190

Pro Gln Phe Pro Arg Ala Cys Thr Glu Ala Glu Phe Ala Cys His Ser
 195 200 205
 Tyr Asn Glu Cys Val Ala Leu Glu Tyr Arg Cys Asp Arg Arg Pro Asp
 210 215 220
 Cys Arg Asp Met Ser Asp Glu Leu Asn Cys Glu Glu Pro Val Leu Gly
 225 230 235 240
 Ile Ser Pro Thr Phe Ser Leu Leu Val Glu Thr Thr Ser Leu Pro Pro
 245 250 255
 Arg Pro Glu Thr Thr Ile Met Arg Gln Pro Pro Val Thr His Ala Pro
 260 265 270
 Gln Pro Leu Leu Pro Gly Ser Val Arg Pro Leu Pro Cys Gly Pro Gln
 275 280 285
 Glu Ala Ala Cys Arg Asn Gly His Cys Ile Pro Arg Asp Tyr Leu Cys
 290 295 300
 Asp Gly Gln Glu Asp Cys Glu Asp Gly Ser Asp Glu Leu Asp Cys Gly
 305 310 315 320
 Pro Pro Pro Pro Cys Glu Pro Asn Glu Phe Pro Cys Gly Asn Gly His
 325 330 335
 Cys Ala Leu Lys Leu Trp Arg Cys Asp Gly Asp Phe Asp Cys Glu Asp
 340 345 350
 Arg Thr Asp Glu Ala Asn Cys Pro Thr Lys Arg Pro Glu Glu Val Cys
 355 360 365
 Gly Pro Thr Gln Phe Arg Cys Val Ser Thr Asn Met Cys Ile Pro Ala
 370 375 380
 Ser Phe His Cys Asp Glu Glu Ser Asp Cys Pro Asp Arg Ser Asp Glu
 385 390 395 400
 Phe Gly Cys Met Pro Pro Gln Val Val Thr Pro Pro Arg Glu Ser Ile
 405 410 415
 Gln Ala Ser Arg Gly Gln Thr Val Thr Phe Thr Cys Val Ala Ile Gly
 420 425 430
 Val Pro Ala Pro Phe Leu Ile Asn Trp Arg Leu Asn Trp Gly His Ile
 435 440 445
 Pro Ser Gln Pro Arg Val Thr Val Thr Ser Glu Gly Gly Arg Gly Thr
 450 455 460
 Leu Ile Ile Arg Asp Val Lys Glu Ser Asp Gln Gly Ala Tyr Thr Cys
 465 470 475 480
 Glu Ala Met Asn Ala Arg Gly Met Val Phe Gly Ile Pro Asp Gly Val
 485 490 495
 Leu Glu Leu Val Pro Gln Arg Ala Gly Pro Cys Pro Asp Gly His Phe
 500 505 510

Tyr Leu Glu His Ser Ala Ala Cys Leu Pro Cys Phe Cys Phe Gly Ile
 515 520 525
 Thr Ser Val Cys Gln Ser Thr Arg Arg Phe Arg Asp Gln Ile Arg Leu
 530 535 540
 Arg Phe Asp Gln Pro Asp Asp Phe Lys Gly Val Asn Val Thr Met Pro
 545 550 555 560
 Ala Gln Pro Gly Thr Pro Pro Leu Ser Ser Thr Gln Leu Gln Ile Asp
 565 570 575
 Pro Ser Leu His Glu Phe Gln Leu Val Asp Leu Ser Arg Arg Phe Leu
 580 585 590
 Val His Asp Ser Phe Trp Ala Leu Pro Glu Gln Phe Leu Gly Asn Lys
 595 600 605
 Val Asp Ser Tyr Gly Gly Ser Leu Arg Tyr Asn Val Arg Tyr Glu Leu
 610 615 620
 Ala Arg Gly Met Leu Glu Pro Val Gln Arg Pro Asp Val Val Leu Val
 625 630 635 640
 Gly Ala Gly Tyr Arg Leu Leu Ser Arg Gly His Thr Pro Thr Gln Pro
 645 650 655
 Gly Ala Leu Asn Gln Arg Gln Val Gln Phe Ser Glu Glu His Trp Val
 660 665 670
 His Glu Ser Gly Arg Pro Val Gln Arg Ala Glu Leu Leu Gln Val Leu
 675 680 685
 Gln Ser Leu Glu Ala Val Leu Ile Gln Thr Val Tyr Asn Thr Lys Met
 690 695 700
 Ala Ser Val Gly Leu Ser Asp Ile Ala Met Asp Thr Thr Val Thr His
 705 710 715 720
 Ala Thr Ser His Gly Arg Ala His Ser Val Glu Glu Cys Arg Cys Pro
 725 730 735
 Ile Gly Tyr Ser Gly Leu Ser Cys Glu Ser Cys Asp Ala His Phe Thr
 740 745 750
 Arg Val Pro Gly Gly Pro Tyr Leu Gly Thr Cys Ser Gly Cys Ser Cys
 755 760 765
 Asn Gly His Ala Ser Ser Cys Asp Pro Val Tyr Gly His Cys Leu Asn
 770 775 780
 Cys Gln His Asn Thr Glu Gly Pro Gln Cys Lys Lys Cys Lys Ala Gly
 785 790 795 800
 Phe Phe Gly Asp Ala Met Lys Ala Thr Ala Thr Ser Cys Arg Pro Cys
 805 810 815
 Pro Cys Pro Tyr Ile Asp Ala Ser Arg Arg Phe Ser Asp Thr Cys Phe

820						825						830					
Leu	Asp	Thr	Asp	Gly	Gln	Ala	Thr	Cys	Asp	Ala	Cys	Ala	Pro	Gly	Tyr		
	835						840					845					
Thr	Gly	Arg	Arg	Cys	Glu	Ser	Cys	Ala	Pro	Gly	Tyr	Glu	Gly	Asn	Pro		
	850					855						860					
Ile	Gln	Pro	Gly	Gly	Lys	Cys	Arg	Pro	Val	Asn	Gln	Glu	Ile	Val	Arg		
865					870					875					880		
Cys	Asp	Glu	Arg	Gly	Ser	Met	Gly	Thr	Ser	Gly	Glu	Ala	Cys	Arg	Cys		
				885					890					895			
Lys	Asn	Asn	Val	Val	Gly	Arg	Leu	Cys	Asn	Glu	Cys	Ala	Asp	Arg	Ser		
			900					905					910				
Phe	His	Leu	Ser	Thr	Arg	Asn	Pro	Asp	Gly	Cys	Leu	Lys	Cys	Phe	Cys		
	915						920					925					
Met	Gly	Val	Ser	Arg	His	Cys	Thr	Ser	Ser	Ser	Trp	Ser	Arg	Ala	Gln		
	930					935					940						
Leu	His	Gly	Ala	Ser	Glu	Glu	Pro	Gly	His	Phe	Ser	Leu	Thr	Asn	Ala		
945					950					955					960		
Ala	Ser	Thr	His	Thr	Thr	Asn	Glu	Gly	Ile	Phe	Ser	Pro	Thr	Pro	Gly		
				965					970					975			
Glu	Leu	Gly	Phe	Ser	Ser	Phe	His	Arg	Leu	Leu	Ser	Gly	Pro	Tyr	Phe		
			980					985					990				
Trp	Ser	Leu	Pro	Ser	Arg	Phe	Leu	Gly	Asp	Lys	Val	Thr	Ser	Tyr	Gly		
		995					1000					1005					
Gly	Glu	Leu	Arg	Phe	Thr	Val	Thr	Gln	Arg	Ser	Gln	Pro	Gly	Ser	Thr		
	1010						1015				1020						
Pro	Leu	His	Gly	Gln	Pro	Leu	Val	Val	Leu	Gln	Gly	Asn	Asn	Ile	Ile		
1025					1030					1035					1040		
Leu	Glu	His	His	Val	Ala	Gln	Glu	Pro	Ser	Pro	Gly	Gln	Pro	Ser	Thr		
				1045					1050				1055				
Phe	Ile	Val	Pro	Phe	Arg	Glu	Gln	Ala	Trp	Gln	Arg	Pro	Asp	Gly	Gln		
		1060						1065					1070				
Pro	Ala	Thr	Arg	Glu	His	Leu	Leu	Met	Ala	Leu	Ala	Gly	Ile	Asp	Thr		
		1075					1080						1085				
Leu	Leu	Ile	Arg	Ala	Ser	Tyr	Ala	Gln	Gln	Pro	Ala	Glu	Ser	Arg	Val		
	1090						1095				1100						
Ser	Gly	Ile	Ser	Met	Asp	Val	Ala	Val	Pro	Glu	Glu	Thr	Gly	Gln	Asp		
1105					1110					1115					1120		
Pro	Ala	Leu	Glu	Val	Glu	Gln	Cys	Ser	Cys	Pro	Pro	Gly	Tyr	Arg	Gly		
				1125					1130					1135			

Pro Ser Cys Gln Asp Cys Asp Thr Gly Tyr Thr Arg Thr Pro Ser Gly
 1140 1145 1150
 Leu Tyr Leu Gly Thr Cys Glu Arg Cys Ser Cys His Gly His Ser Glu
 1155 1160 1165
 Ala Cys Glu Pro Glu Thr Gly Ala Cys Gln Gly Cys Gln His His Thr
 1170 1175 1180
 Glu Gly Pro Arg Cys Glu Gln Cys Gln Pro Gly Tyr Tyr Gly Asp Ala
 1185 1190 1195 1200
 Gln Arg Gly Thr Pro Gln Asp Cys Gln Leu Cys Pro Cys Tyr Gly Asp
 1205 1210 1215
 Pro Ala Ala Gly Gln Ala Ala His Thr Cys Phe Leu Asp Thr Asp Gly
 1220 1225 1230
 His Pro Thr Cys Asp Ala Cys Ser Pro Gly His Ser Gly Arg His Cys
 1235 1240 1245
 Glu Arg Cys Ala Pro Gly Tyr Tyr Gly Asn Pro Ser Gln Gly Gln Pro
 1250 1255 1260
 Cys Gln Arg Asp Ser Gln Val Pro Gly Pro Ile Gly Cys Asn Cys Asp
 1265 1270 1275 1280
 Pro Gln Gly Ser Val Ser Ser Gln Cys Asp Ala Ala Gly Gln Cys Gln
 1285 1290 1295
 Cys Lys Ala Gln Val Glu Gly Leu Thr Cys Ser His Cys Arg Pro His
 1300 1305 1310
 His Phe His Leu Ser Ala Ser Asn Pro Asp Gly Cys Leu Pro Cys Phe
 1315 1320 1325
 Cys Met Gly Ile Thr Gln Gln Cys Ala Ser Ser Ala Tyr Thr Arg His
 1330 1335 1340
 Leu Ile Ser Thr His Phe Ala Pro Gly Asp Phe Gln Gly Phe Ala Leu
 1345 1350 1355 1360
 Val Asn Pro Gln Arg Asn Ser Arg Leu Thr Gly Glu Phe Thr Val Glu
 1365 1370 1375
 Pro Val Pro Glu Gly Ala Gln Leu Ser Phe Gly Asn Phe Ala Gln Leu
 1380 1385 1390
 Gly His Glu Ser Phe Tyr Trp Gln Leu Pro Glu Thr Tyr Gln Gly Asp
 1395 1400 1405
 Lys Val Ala Ala Tyr Gly Gly Lys Leu Arg Tyr Thr Leu Ser Tyr Thr
 1410 1415 1420
 Ala Gly Pro Gln Gly Ser Pro Leu Ser Asp Pro Asp Val Gln Ile Thr
 1425 1430 1435 1440
 Gly Asn Asn Ile Met Leu Val Ala Ser Gln Pro Ala Leu Gln Gly Pro
 1445 1450 1455

Glu Arg Arg Ser Tyr Glu Ile Met Phe Arg Glu Glu Phe Trp Arg Arg
 1460 1465 1470
 Pro Asp Gly Gln Pro Ala Thr Arg Glu His Leu Leu Met Ala Leu Ala
 1475 1480 1485
 Asp Leu Asp Glu Leu Leu Ile Arg Ala Thr Phe Ser Ser Val Pro Leu
 1490 1495 1500
 Val Ala Ser Ile Ser Ala Val Ser Leu Glu Val Ala Gln Pro Gly Pro
 1505 1510 1515 1520
 Ser Asn Arg Pro Arg Ala Leu Glu Val Glu Glu Cys Arg Cys Pro Pro
 1525 1530 1535
 Gly Tyr Ile Gly Leu Ser Cys Gln Asp Cys Ala Pro Gly Tyr Thr Arg
 1540 1545 1550
 Thr Gly Ser Gly Leu Tyr Leu Gly His Cys Glu Leu Cys Glu Cys Asn
 1555 1560 1565
 Gly His Ser Asp Leu Cys His Pro Glu Thr Gly Ala Cys Ser Gln Cys
 1570 1575 1580
 Gln His Asn Ala Ala Gly Glu Phe Cys Glu Leu Cys Ala Pro Gly Tyr
 1585 1590 1595 1600
 Tyr Gly Asp Ala Thr Ala Gly Thr Pro Glu Asp Cys Gln Pro Cys Ala
 1605 1610 1615
 Cys Pro Leu Thr Asn Pro Glu Asn Met Phe Ser Arg Thr Cys Glu Ser
 1620 1625 1630
 Leu Gly Ala Gly Gly Tyr Arg Cys Thr Ala Cys Glu Pro Gly Tyr Thr
 1635 1640 1645
 Gly Gln Tyr Cys Glu Gln Cys Gly Pro Gly Tyr Val Gly Asn Pro Ser
 1650 1655 1660
 Val Gln Gly Gly Gln Cys Leu Pro Glu Thr Asn Gln Ala Pro Leu Val
 1665 1670 1675 1680
 Val Glu Val His Pro Ala Arg Ser Ile Val Pro Gln Gly Gly Ser His
 1685 1690 1695
 Ser Leu Arg Cys Gln Val Ser Gly Arg Gly Pro His Tyr Phe Tyr Trp
 1700 1705 1710
 Ser Arg Glu Asp Gly Arg Pro Val Pro Ser Gly Thr Gln Gln Arg His
 1715 1720 1725
 Gln Gly Ser Glu Leu His Phe Pro Ser Val Gln Pro Ser Asp Ala Gly
 1730 1735 1740
 Val Tyr Ile Cys Thr Cys Arg Asn Leu His Arg Ser Asn Thr Ser Arg
 1745 1750 1755 1760
 Ala Glu Leu Leu Val Thr Glu Ala Pro Ser Lys Pro Ile Thr Val Thr

1765	1770	1775
Val Glu Glu Gln Arg Ser Gln Ser Val Arg Pro Gly Ala Asp Val Thr 1780 1785 1790		
Phe Ile Cys Thr Ala Lys Ser Lys Ser Pro Ala Tyr Thr Leu Val Trp 1795 1800 1805		
Thr Arg Leu His Asn Gly Lys Leu Pro Thr Arg Ala Met Asp Phe Asn 1810 1815 1820		
Gly Ile Leu Thr Ile Arg Asn Val Gln Leu Ser Asp Ala Gly Thr Tyr 1825 1830 1835 1840		
Val Cys Thr Gly Ser Asn Met Phe Ala Met Asp Gln Gly Thr Ala Thr 1845 1850 1855		
Leu His Val Gln Ala Ser Gly Thr Leu Ser Ala Pro Val Val Ser Ile 1860 1865 1870		
His Pro Pro Gln Leu Thr Val Gln Pro Gly Gln Leu Ala Glu Phe Arg 1875 1880 1885		
Cys Ser Ala Thr Gly Ser Pro Thr Pro Thr Leu Glu Trp Thr Gly Gly 1890 1895 1900		
Pro Gly Gly Gln Leu Pro Ala Lys Ala Gln Ile His Gly Gly Ile Leu 1905 1910 1915 1920		
Arg Leu Pro Ala Val Glu Pro Thr Asp Gln Ala Gln Tyr Leu Cys Arg 1925 1930 1935		
Ala His Ser Ser Ala Gly Gln Gln Val Ala Arg Ala Val Leu His Val 1940 1945 1950		
His Gly Gly Gly Gly Pro Arg Val Gln Val Ser Pro Glu Arg Thr Gln 1955 1960 1965		
Val His Ala Gly Arg Thr Val Arg Leu Tyr Cys Arg Ala Ala Gly Val 1970 1975 1980		
Pro Ser Ala Thr Ile Thr Trp Arg Lys Glu Gly Gly Ser Leu Pro Pro 1985 1990 1995 2000		
Gln Ala Arg Ser Glu Arg Thr Asp Ile Ala Thr Leu Leu Ile Pro Ala 2005 2010 2015		
Ile Thr Thr Ala Asp Ala Gly Phe Tyr Leu Cys Val Ala Thr Ser Pro 2020 2025 2030		
Ala Gly Thr Ala Gln Ala Arg Ile Gln Val Val Val Leu Ser Ala Ser 2035 2040 2045		
Asp Ala Ser Gln Pro Pro Val Lys Ile Glu Ser Ser Ser Pro Ser Val 2050 2055 2060		
Thr Glu Gly Gln Thr Leu Asp Leu Asn Cys Val Val Ala Gly Ser Ala 2065 2070 2075 2080		

His Ala Gln Val Thr Trp Tyr Arg Arg Gly Gly Ser Leu Pro His His
 2085 2090 2095
 Thr Gln Val His Gly Ser Arg Leu Arg Leu Pro Gln Val Ser Pro Ala
 2100 2105 2110
 Asp Ser Gly Glu Tyr Val Cys Arg Val Glu Asn Gly Ser Gly Pro Lys
 2115 2120 2125
 Glu Ala Ser Ile Thr Val Ser Val Leu His Gly Thr His Ser Gly Pro
 2130 2135 2140
 Ser Tyr Thr Pro Val Pro Gly Ser Thr Arg Pro Ile Arg Ile Glu Pro
 2145 2150 2155 2160
 Ser Ser Ser His Val Ala Glu Gly Gln Thr Leu Asp Leu Asn Cys Val
 2165 2170 2175
 Val Pro Gly Gln Ala His Ala Gln Val Thr Trp His Lys Arg Gly Gly
 2180 2185 2190
 Ser Leu Pro Ala Arg His Gln Thr His Gly Ser Leu Leu Arg Leu His
 2195 2200 2205
 Gln Val Thr Pro Ala Asp Ser Gly Glu Tyr Val Cys His Val Val Gly
 2210 2215 2220
 Thr Ser Gly Pro Leu Glu Ala Ser Val Leu Val Thr Ile Glu Ala Ser
 2225 2230 2235 2240
 Val Ile Pro Gly Pro Ile Pro Pro Val Arg Ile Glu Ser Ser Ser Ser
 2245 2250 2255
 Thr Val Ala Glu Gly Gln Thr Leu Asp Leu Ser Cys Val Val Ala Gly
 2260 2265 2270
 Gln Ala His Ala Gln Val Thr Trp Tyr Lys Arg Gly Gly Ser Leu Pro
 2275 2280 2285
 Ala Arg His Gln Val Arg Gly Ser Arg Leu Tyr Ile Phe Gln Ala Ser
 2290 2295 2300
 Pro Ala Asp Ala Gly Gln Tyr Val Cys Arg Ala Ser Asn Gly Met Glu
 2305 2310 2315 2320
 Ala Ser Ile Thr Val Thr Val Thr Gly Thr Gln Gly Ala Asn Leu Ala
 2325 2330 2335
 Tyr Pro Ala Gly Ser Thr Gln Pro Ile Arg Ile Glu Pro Ser Ser Ser
 2340 2345 2350
 Gln Val Ala Glu Gly Gln Thr Leu Asp Leu Asn Cys Val Val Pro Gly
 2355 2360 2365
 Gln Ser His Ala Gln Val Thr Trp His Lys Arg Gly Gly Ser Leu Pro
 2370 2375 2380
 Val Arg His Gln Thr His Gly Ser Leu Leu Arg Leu Tyr Gln Ala Ser
 2385 2390 2395 2400

Pro Ala Asp Ser Gly Glu Tyr Val Cys Arg Val Leu Gly Ser Ser Val
 2405 2410 2415

Pro Leu Glu Ala Ser Val Leu Val Thr Ile Glu Pro Ala Gly Ser Val
 2420 2425 2430

Pro Ala Leu Gly Val Thr Pro Thr Val Arg Ile Glu Ser Ser Ser Ser
 2435 2440 2445

Gln Val Ala Glu Gly Gln Thr Leu Asp Leu Asn Cys Leu Val Ala Gly
 2450 2455 2460

Gln Ala His Ala Gln Val Thr Trp His Lys Arg Gly Gly Ser Leu Pro
 2465 2470 2475 2480

Ala Arg His Gln Val His Gly Ser Arg Leu Arg Leu Leu Gln Val Thr
 2485 2490 2495

Pro Ala Asp Ser Gly Glu Tyr Val Cys Arg Val Val Gly Ser Ser Gly
 2500 2505 2510

Thr Gln Glu Ala Ser Val Leu Val Thr Ile Gln Gln Arg Leu Ser Gly
 2515 2520 2525

Ser His Ser Gln Gly Val Ala Tyr Pro Val Arg Ile Glu Ser Ser Ser
 2530 2535 2540

Ala Ser Leu Ala Asn Gly His Thr Leu Asp Leu Asn Cys Leu Val Ala
 2545 2550 2555 2560

Ser Gln Ala Pro His Thr Ile Thr Trp Tyr Lys Arg Gly Gly Ser Leu
 2565 2570 2575

Pro Ser Arg His Gln Ile Val Gly Ser Arg Leu Arg Ile Pro Gln Val
 2580 2585 2590

Thr Pro Ala Asp Ser Gly Glu Tyr Val Cys His Val Ser Asn Gly Ala
 2595 2600 2605

Gly Ser Arg Glu Thr Ser Leu Ile Val Thr Ile Gln Gly Ser Gly Ser
 2610 2615 2620

Ser His Val Pro Arg Val Ser Pro Pro Ile Arg Ile Glu Ser Ser Ser
 2625 2630 2635 2640

Pro Thr Val Val Glu Gly Gln Thr Leu Asp Leu Asn Cys Val Val Ala
 2645 2650 2655

Arg Gln Pro Gln Ala Ile Ile Thr Trp Tyr Lys Arg Gly Gly Ser Leu
 2660 2665 2670

Pro Ser Arg His Gln Thr His Gly Ser His Leu Arg Leu His Gln Met
 2675 2680 2685

Ser Val Ala Asp Ser Gly Glu Tyr Val Cys Arg Ala Asn Asn Asn Ile
 2690 2695 2700

Asp Ala Leu Glu Ala Ser Ile Val Ile Ser Val Ser Pro Ser Ala Gly

2705	2710	2715	2720
Ser Pro Ser Ala Pro Gly Ser Ser Met Pro Ile Arg Ile Glu Ser Ser	2725	2730	2735
Ser Ser His Val Ala Glu Gly Glu Thr Leu Asp Leu Asn Cys Val Val	2740	2745	2750
Pro Gly Gln Ala His Ala Gln Val Thr Trp His Lys Arg Gly Gly Ser	2755	2760	2765
Leu Pro Ser Tyr His Gln Thr Arg Gly Ser Arg Leu Arg Leu His His	2770	2775	2780
Val Ser Pro Ala Asp Ser Gly Glu Tyr Val Cys Arg Val Met Gly Ser	2785	2790	2795
Ser Gly Pro Leu Glu Ala Ser Val Leu Val Thr Ile Glu Ala Ser Gly	2805	2810	2815
Ser Ser Ala Val His Val Pro Ala Pro Gly Gly Ala Pro Pro Ile Arg	2820	2825	2830
Ile Glu Pro Ser Ser Ser Arg Val Ala Glu Gly Gln Thr Leu Asp Leu	2835	2840	2845
Lys Cys Val Val Pro Gly Gln Ala His Ala Gln Val Thr Trp His Lys	2850	2855	2860
Arg Gly Gly Asn Leu Pro Ala Arg His Gln Val His Gly Pro Leu Leu	2865	2870	2875
Arg Leu Asn Gln Val Ser Pro Ala Asp Ser Gly Glu Tyr Ser Cys Gln	2885	2890	2895
Val Thr Gly Ser Ser Gly Thr Leu Glu Ala Ser Val Leu Val Thr Ile	2900	2905	2910
Glu Pro Ser Ser Pro Gly Pro Ile Pro Ala Pro Gly Leu Ala Gln Pro	2915	2920	2925
Ile Tyr Ile Glu Ala Ser Ser Ser His Val Thr Glu Gly Gln Thr Leu	2930	2935	2940
Asp Leu Asn Cys Val Val Pro Gly Gln Ala His Ala Gln Val Thr Trp	2945	2950	2955
Tyr Lys Arg Gly Gly Ser Leu Pro Ala Arg His Gln Thr His Gly Ser	2965	2970	2975
Gln Leu Arg Leu His His Val Ser Pro Ala Asp Ser Gly Glu Tyr Val	2980	2985	2990
Cys Arg Ala Ala Gly Gly Pro Gly Pro Glu Gln Glu Ala Ser Phe Thr	2995	3000	3005
Val Thr Val Pro Pro Ser Glu Gly Ser Ser Tyr Arg Leu Arg Ser Pro	3010	3015	3020

Val Ile Ser Ile Asp Pro Pro Ser Ser Thr Val Gln Gln Gly Gln Asp
 3025 3030 3035 3040
 Ala Ser Phe Lys Cys Leu Ile His Asp Gly Ala Ala Pro Ile Ser Leu
 3045 3050 3055
 Glu Trp Lys Thr Arg Asn Gln Glu Leu Glu Asp Asn Val His Ile Ser
 3060 3065 3070
 Pro Asn Gly Ser Ile Ile Thr Ile Val Gly Thr Arg Pro Ser Asn His
 3075 3080 3085
 Gly Thr Tyr Arg Cys Val Ala Ser Asn Ala Tyr Gly Val Ala Gln Ser
 3090 3095 3100
 Val Val Asn Leu Ser Val His Gly Pro Pro Thr Val Ser Val Leu Pro
 3105 3110 3115 3120
 Glu Gly Pro Val Trp Val Lys Val Gly Lys Ala Val Thr Leu Glu Cys
 3125 3130 3135
 Val Ser Ala Gly Glu Pro Arg Ser Ser Ala Arg Trp Thr Arg Ile Ser
 3140 3145 3150
 Ser Thr Pro Ala Lys Leu Glu Gln Arg Thr Tyr Gly Leu Met Asp Ser
 3155 3160 3165
 His Thr Val Leu Gln Ile Ser Ser Ala Lys Pro Ser Asp Ala Gly Thr
 3170 3175 3180
 Tyr Val Cys Leu Ala Gln Asn Ala Leu Gly Thr Ala Gln Lys Gln Val
 3185 3190 3195 3200
 Glu Val Ile Val Asp Thr Gly Ala Met Ala Pro Gly Ala Pro Gln Val
 3205 3210 3215
 Gln Ala Glu Glu Ala Glu Leu Thr Val Glu Ala Gly His Thr Ala Thr
 3220 3225 3230
 Leu Arg Cys Ser Ala Thr Gly Ser Pro Ala Arg Thr Ile His Trp Ser
 3235 3240 3245
 Lys Leu Arg Ser Pro Leu Pro Trp Gln His Arg Leu Glu Gly Asp Thr
 3250 3255 3260
 Leu Ile Ile Pro Arg Val Ala Gln Gln Asp Ser Gly Gln Tyr Ile Cys
 3265 3270 3275 3280
 Asn Ala Thr Ser Pro Ala Gly His Ala Glu Ala Thr Ile Ile Leu His
 3285 3290 3295
 Val Glu Ser Pro Pro Tyr Ala Thr Thr Val Pro Glu His Ala Ser Val
 3300 3305 3310
 Gln Ala Gly Glu Thr Val Gln Leu Gln Cys Leu Ala His Gly Thr Pro
 3315 3320 3325
 Pro Leu Thr Phe Gln Trp Ser Arg Val Gly Ser Ser Leu Pro Gly Arg
 3330 3335 3340

Ala Thr Ala Arg Asn Glu Leu Leu His Phe Glu Arg Ala Ala Pro Glu
 3345 3350 3355 3360
 Asp Ser Gly Arg Tyr Arg Cys Arg Val Thr Asn Lys Val Gly Ser Ala
 3365 3370 3375
 Glu Ala Phe Ala Gln Leu Leu Val Gln Gly Pro Pro Gly Ser Leu Pro
 3380 3385 3390
 Ala Thr Ser Ile Pro Ala Gly Ser Thr Pro Thr Val Gln Val Thr Pro
 3395 3400 3405
 Gln Leu Glu Thr Lys Ser Ile Gly Ala Ser Val Glu Phe His Cys Ala
 3410 3415 3420
 Val Pro Ser Asp Arg Gly Thr Gln Leu Arg Trp Phe Lys Glu Gly Gly
 3425 3430 3435 3440
 Gln Leu Pro Pro Gly His Ser Val Gln Asp Gly Val Leu Arg Ile Gln
 3445 3450 3455
 Asn Leu Asp Gln Ser Cys Gln Gly Thr Tyr Ile Cys Gln Ala His Gly
 3460 3465 3470
 Pro Trp Gly Lys Ala Gln Ala Ser Ala Gln Leu Val Ile Gln Ala Leu
 3475 3480 3485
 Pro Ser Val Leu Ile Asn Ile Arg Thr Ser Val Gln Thr Val Val Val
 3490 3495 3500
 Gly His Ala Val Glu Phe Glu Cys Leu Ala Leu Gly Asp Pro Lys Pro
 3505 3510 3515 3520
 Gln Val Thr Trp Ser Lys Val Gly Gly His Leu Arg Pro Gly Ile Val
 3525 3530 3535
 Gln Ser Gly Gly Val Val Arg Ile Ala His Val Glu Leu Ala Asp Ala
 3540 3545 3550
 Gly Gln Tyr Arg Cys Thr Ala Thr Asn Ala Ala Gly Thr Thr Gln Ser
 3555 3560 3565
 His Val Leu Leu Leu Val Gln Ala Leu Pro Gln Ile Ser Met Pro Gln
 3570 3575 3580
 Glu Val Arg Val Pro Ala Gly Ser Ala Ala Val Phe Pro Cys Ile Ala
 3585 3590 3595 3600
 Ser Gly Tyr Pro Thr Pro Asp Ile Ser Trp Ser Lys Leu Asp Gly Ser
 3605 3610 3615
 Leu Pro Pro Asp Ser Arg Leu Glu Asn Asn Met Leu Met Leu Pro Ser
 3620 3625 3630
 Val Gln Pro Gln Asp Ala Gly Thr Tyr Val Cys Thr Ala Thr Asn Arg
 3635 3640 3645
 Gln Gly Lys Val Lys Ala Phe Ala His Leu Gln Val Pro Glu Arg Val

3650	3655	3660
Val Pro Tyr Phe Thr Gln Thr Pro Tyr Ser Phe Leu Pro Leu Pro Thr		
3665	3670	3675 3680
Ile Lys Asp Ala Tyr Arg Lys Phe Glu Ile Lys Ile Thr Phe Arg Pro		
	3685	3690 3695
Asp Ser Ala Asp Gly Met Leu Leu Tyr Asn Gly Gln Lys Arg Val Pro		
	3700	3705 3710
Gly Ser Pro Thr Asn Leu Ala Asn Arg Gln Pro Asp Phe Ile Ser Phe		
	3715	3720 3725
Gly Leu Val Gly Gly Arg Pro Glu Phe Arg Phe Asp Ala Gly Ser Gly		
	3730	3735 3740
Met Ala Thr Ile Arg His Pro Thr Pro Leu Ala Leu Gly His Phe His		
	3745	3750 3755 3760
Thr Val Thr Leu Leu Arg Ser Leu Thr Gln Gly Ser Leu Ile Val Gly		
	3765	3770 3775
Asp Leu Ala Pro Val Asn Gly Thr Ser Gln Gly Lys Phe Gln Gly Leu		
	3780	3785 3790
Asp Leu Asn Glu Glu Leu Tyr Leu Gly Gly Tyr Pro Asp Tyr Gly Ala		
	3795	3800 3805
Ile Pro Lys Ala Gly Leu Ser Ser Gly Phe Ile Gly Cys Val Arg Glu		
	3810	3815 3820
Leu Arg Ile Gln Gly Glu Glu Ile Val Phe His Asp Leu Asn Leu Thr		
	3825	3830 3835 3840
Ala His Gly Ile Ser His Cys Pro Thr Cys Arg Asp Arg Pro Cys Gln		
	3845	3850 3855
Asn Gly Gly Gln Cys His Asp Ser Glu Ser Ser Ser Tyr Val Cys Val		
	3860	3865 3870
Cys Pro Ala Gly Phe Thr Gly Ser Arg Cys Glu His Ser Gln Ala Leu		
	3875	3880 3885
His Cys His Pro Glu Ala Cys Gly Pro Asp Ala Thr Cys Val Asn Arg		
	3890	3895 3900
Pro Asp Gly Arg Gly Tyr Thr Cys Arg Cys His Leu Gly Arg Ser Gly		
	3905	3910 3915 3920
Leu Arg Cys Glu Glu Gly Val Thr Val Thr Thr Pro Ser Leu Ser Gly		
	3925	3930 3935
Ala Gly Ser Tyr Leu Ala Leu Pro Ala Leu Thr Asn Thr His His Glu		
	3940	3945 3950
Leu Arg Leu Asp Val Glu Phe Lys Pro Leu Ala Pro Asp Gly Val Leu		
	3955	3960 3965

Leu Phe Ser Gly Gly Lys Ser Gly Pro Val Glu Asp Phe Val Ser Leu
 3970 3975 3980
 Ala Met Val Gly Gly His Leu Glu Phe Arg Tyr Glu Leu Gly Ser Gly
 3985 3990 3995 4000
 Leu Ala Val Leu Arg Thr Ala Glu Pro Leu Ala Leu Gly Arg Trp His
 4005 4010 4015
 Arg Val Ser Ala Glu Arg Leu Asn Lys Asp Gly Ser Leu Arg Val Asn
 4020 4025 4030
 Gly Gly Arg Pro Val Leu Arg Ser Ser Pro Gly Lys Ser Gln Gly Leu
 4035 4040 4045
 Asn Leu His Thr Leu Leu Tyr Leu Gly Gly Val Glu Pro Ser Val Pro
 4050 4055 4060
 Leu Ser Pro Ala Thr Asn Met Ser Ala His Phe Arg Gly Cys Val Gly
 4065 4070 4075 4080
 Glu Val Ser Val Asn Gly Lys Arg Leu Asp Leu Thr Tyr Ser Phe Leu
 4085 4090 4095
 Gly Ser Gln Gly Ile Gly Gln Cys Tyr Asp Ser Ser Pro Cys Glu Arg
 4100 4105 4110
 Gln Pro Cys Gln His Gly Ala Thr Cys Met Pro Ala Gly Glu Tyr Glu
 4115 4120 4125
 Phe Gln Cys Leu Cys Arg Asp Gly Ile Lys Gly Asp Leu Cys Glu His
 4130 4135 4140
 Glu Glu Asn Pro Cys Gln Leu Arg Glu Pro Cys Leu His Gly Gly Thr
 4145 4150 4155 4160
 Cys Gln Gly Thr Arg Cys Leu Cys Leu Pro Gly Phe Ser Gly Pro Arg
 4165 4170 4175
 Cys Gln Gln Gly Ser Gly His Gly Ile Ala Glu Ser Asp Trp His Leu
 4180 4185 4190
 Glu Gly Ser Gly Gly Asn Asp Ala Pro Gly Gln Tyr Gly Ala Tyr Phe
 4195 4200 4205
 His Asp Asp Gly Phe Leu Ala Phe Pro Gly His Val Phe Ser Arg Ser
 4210 4215 4220
 Leu Pro Glu Val Pro Glu Thr Ile Glu Leu Glu Val Arg Thr Ser Thr
 4225 4230 4235 4240
 Ala Ser Gly Leu Leu Leu Trp Gln Gly Val Glu Val Gly Glu Ala Gly
 4245 4250 4255
 Gln Gly Lys Asp Phe Ile Ser Leu Gly Leu Gln Asp Gly His Leu Val
 4260 4265 4270
 Phe Arg Tyr Gln Leu Gly Ser Gly Glu Ala Arg Leu Val Ser Glu Asp
 4275 4280 4285

Pro Ile Asn Asp Gly Glu Trp His Arg Val Thr Ala Leu Arg Glu Gly
 4290 4295 4300
 Arg Arg Gly Ser Ile Gln Val Asp Gly Glu Glu Leu Val Ser Gly Arg
 4305 4310 4315 4320
 Ser Pro Gly Pro Asn Val Ala Val Asn Ala Lys Gly Ser Ile Tyr Ile
 4325 4330 4335
 Gly Gly Ala Pro Asp Val Ala Thr Leu Thr Gly Gly Arg Phe Ser Ser
 4340 4345 4350
 Gly Ile Thr Gly Cys Val Lys Asn Leu Val Leu His Ser Ala Arg Pro
 4355 4360 4365
 Gly Ala Pro Pro Pro Gln Pro Leu Asp Leu Gln His Arg Ala Gln Ala
 4370 4375 4380
 Gly Ala Asn Thr Arg Pro Cys Pro Ser
 4385 4390

<210> 2
 <211> 195
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 2
 Asp Ala Pro Gly Gln Tyr Gly Ala Tyr Phe His Asp Asp Gly Phe Leu
 1 5 10 15
 Ala Phe Pro Gly His Val Phe Ser Arg Ser Leu Pro Glu Val Pro Glu
 20 25 30
 Thr Ile Glu Leu Glu Val Arg Thr Ser Thr Ala Ser Gly Leu Leu Leu
 35 40 45
 Trp Gln Gly Val Glu Val Gly Glu Ala Gly Gln Gly Lys Asp Phe Ile
 50 55 60
 Ser Leu Gly Leu Gln Asp Gly His Leu Val Phe Arg Tyr Gln Leu Gly
 65 70 75 80
 Ser Gly Glu Ala Arg Leu Val Ser Glu Asp Pro Ile Asn Asp Gly Glu
 85 90 95
 Trp His Arg Val Thr Ala Leu Arg Glu Gly Arg Arg Gly Ser Ile Gln
 100 105 110
 Val Asp Gly Glu Glu Leu Val Ser Gly Arg Ser Pro Gly Pro Asn Val
 115 120 125
 Ala Val Asn Ala Lys Gly Ser Val Tyr Ile Gly Gly Ala Pro Asp Val
 130 135 140
 Ala Thr Leu Thr Gly Gly Arg Phe Ser Ser Gly Ile Thr Gly Cys Val
 145 150 155 160

Lys Asn Leu Val Leu His Ser Ala Arg Pro Gly Ala Pro Pro Pro Gln
 165 170 175

Pro Leu Asp Leu Gln His Arg Ala Gln Ala Gly Ala Asn Thr Arg Pro
 180 185 190

Cys Pro Ser
 195

<210> 3

<211> 508

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 3

Arg Thr Cys Arg Cys Lys Asn Asn Val Val Gly Arg Leu Cys Asn Glu
 1 5 10 15

Cys Ala Asp Arg Ser Phe His Leu Ser Thr Arg Asn Pro Asp Gly Cys
 20 25 30

Leu Lys Cys Phe Cys Met Gly Val Ser Arg His Cys Thr Ser Ser Ser
 35 40 45

Trp Ser Arg Ala Gln Leu His Gly Ala Ser Glu Glu Pro Gly His Phe
 50 55 60

Ser Leu Thr Asn Ala Ala Ser Thr His Thr Thr Asn Glu Gly Ile Phe
 65 70 75 80

Ser Pro Thr Pro Gly Glu Leu Gly Phe Ser Ser Phe His Arg Leu Leu
 85 90 95

Ser Gly Pro Tyr Phe Trp Ser Leu Pro Ser Arg Phe Leu Gly Asp Lys
 100 105 110

Val Thr Ser Tyr Gly Gly Glu Leu Arg Phe Thr Val Thr Gln Arg Ser
 115 120 125

Gln Pro Gly Ser Thr Pro Leu His Gly Gln Pro Leu Val Val Leu Gln
 130 135 140

Gly Asn Asn Ile Ile Leu Glu His His Val Ala Gln Glu Pro Ser Pro
 145 150 155 160

Gly Gln Pro Ser Thr Phe Ile Val Pro Phe Arg Glu Gln Ala Trp Gln
 165 170 175

Arg Pro Asp Gly Gln Pro Ala Thr Arg Glu His Leu Leu Met Ala Leu
 180 185 190

Ala Gly Ile Asp Thr Leu Leu Ile Arg Ala Ser Tyr Ala Gln Gln Pro
 195 200 205

Ala Glu Ser Arg Leu Ser Gly Ile Ser Met Asp Val Ala Val Pro Glu
 210 215 220

Glu Thr Gly Gln Asp Pro Ala Leu Glu Val Glu Gln Cys Ser Cys Pro
 225 230 235 240
 Pro Gly Tyr Leu Gly Pro Ser Cys Gln Asp Cys Asp Thr Gly Tyr Thr
 245 250 255
 Arg Thr Pro Ser Gly Leu Tyr Leu Gly Thr Cys Glu Arg Cys Ser Cys
 260 265 270
 His Gly His Ser Glu Ala Cys Glu Pro Glu Thr Gly Ala Cys Gln Gly
 275 280 285
 Cys Gln His His Thr Glu Gly Pro Arg Cys Glu Gln Cys Gln Pro Gly
 290 295 300
 Tyr Tyr Gly Asp Ala Gln Arg Gly Thr Pro Gln Asp Cys Gln Leu Cys
 305 310 315 320
 Pro Cys Tyr Gly Asp Pro Ala Ala Gly Gln Ala Ala Leu Thr Cys Phe
 325 330 335
 Leu Asp Thr Asp Gly His Pro Thr Cys Asp Ala Cys Ser Pro Gly His
 340 345 350
 Ser Gly Arg His Cys Glu Arg Cys Ala Pro Gly Tyr Tyr Gly Asn Pro
 355 360 365
 Ser Gln Gly Gln Pro Cys Gln Arg Asp Ser Gln Val Pro Gly Pro Ile
 370 375 380
 Gly Cys Asn Cys Asp Pro Gln Gly Ser Val Ser Ser Gln Cys Asp Ala
 385 390 395 400
 Ala Gly Gln Cys Gln Cys Lys Ala Gln Val Glu Gly Leu Thr Cys Ser
 405 410 415
 His Cys Arg Pro His His Phe His Leu Ser Ala Ser Asn Pro Asp Gly
 420 425 430
 Cys Leu Pro Cys Phe Cys Met Gly Ile Thr Gln Gln Cys Ala Ser Ser
 435 440 445
 Ala Tyr Thr Arg His Leu Ile Ser Thr His Phe Ala Pro Gly Asp Phe
 450 455 460
 Gln Gly Phe Ala Leu Val Asn Pro Gln Arg Asn Ser Arg Leu Thr Gly
 465 470 475 480
 Glu Phe Thr Val Glu Pro Val Pro Glu Gly Ala Gln Leu Ser Phe Gly
 485 490 495
 Asn Phe Ala Gln Leu Gly His Glu Ser Phe Tyr Trp
 500 505

<210> 4

<211> 199

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 4

```

Met Lys Trp Val Trp Ala Leu Leu Leu Leu Ala Ala Trp Ala Ala Ala
 1           5           10           15

Glu Arg Asp Cys Arg Val Ser Ser Phe Arg Val Lys Glu Asn Phe Asp
      20           25           30

Lys Ala Arg Phe Ser Gly Thr Trp Tyr Ala Met Ala Lys Lys Asp Pro
      35           40           45

Glu Gly Leu Phe Leu Gln Asp Asn Ile Val Ala Glu Phe Ser Val Asp
 50           55           60

Glu Thr Gly Gln Met Ser Ala Thr Ala Lys Gly Arg Val Arg Leu Leu
 65           70           75           80

Asn Asn Trp Asp Val Cys Ala Asp Met Val Gly Thr Phe Thr Asp Thr
      85           90           95

Glu Asp Pro Ala Lys Phe Lys Met Lys Tyr Trp Gly Val Ala Ser Phe
      100          105          110

Leu Gln Lys Gly Asn Asp Asp His Trp Ile Val Asp Thr Asp Tyr Asp
      115          120          125

Thr Tyr Ala Val Gln Tyr Ser Cys Arg Leu Leu Asn Leu Asp Gly Thr
      130          135          140

Cys Ala Asp Ser Tyr Ser Phe Val Phe Ser Arg Asp Pro Asn Gly Leu
145           150           155           160

Pro Pro Glu Ala Gln Lys Ile Val Arg Gln Arg Gln Glu Glu Leu Cys
      165          170          175

Leu Ala Arg Gln Tyr Arg Leu Ile Val His Asn Gly Tyr Cys Asp Gly
      180          185          190

Arg Ser Glu Arg Asn Leu Leu
      195

```

<210> 5

<211> 199

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 5

```

Met Lys Trp Val Trp Ala Leu Leu Leu Leu Ala Ala Trp Ala Ala Ala
 1           5           10           15

Glu Arg Asp Cys Arg Val Ser Ser Phe Arg Val Lys Glu Asn Phe Asp
      20           25           30

Lys Ala Arg Phe Ser Gly Thr Trp Tyr Ala Met Ala Lys Lys Asp Pro
      35           40           45

```


Glu Gly Leu Phe Leu Gln Asp Asn Ile Val Ala Glu Phe Ser Val Asp
 50 55 60
 Glu Thr Gly Gln Met Ser Ala Thr Ala Lys Gly Arg Val Arg Leu Leu
 65 70 75 80
 Asn Asn Trp Asp Val Cys Ala Asp Met Val Gly Thr Phe Thr Asp Thr
 85 90 95
 Glu Asp Pro Ala Lys Phe Lys Met Lys Tyr Trp Gly Val Ala Ser Phe
 100 105 110
 Leu Gln Lys Gly Asn Asp Asp His Trp Ile Val Asp Thr Asp Tyr Asp
 115 120 125
 Thr Tyr Ala Val Gln Tyr Ser Cys Arg Leu Leu Asn Leu Asp Gly Thr
 130 135 140
 Cys Ala Asp Ser Tyr Ser Phe Val Phe Ser Arg Asp Pro Asn Gly Leu
 145 150 155 160
 Pro Pro Glu Ala Gln Lys Ile Val Arg Gln Arg Gln Glu Glu Leu Cys
 165 170 175
 Leu Ala Arg Gln Tyr Arg Leu Ile Val His Asn Gly Tyr Cys Asp Gly
 180 185 190
 Arg Ser Glu Arg Asn Leu Leu
 195

<210> 6
 <211> 199
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 6
 Met Lys Trp Val Trp Ala Leu Leu Leu Leu Ala Ala Trp Ala Ala Ala
 1 5 10 15
 Glu Arg Asp Cys Arg Val Ser Ser Phe Arg Val Lys Glu Asn Phe Asp
 20 25 30
 Lys Ala Arg Phe Ser Gly Thr Trp Tyr Ala Met Ala Lys Lys Asp Pro
 35 40 45
 Glu Gly Leu Phe Leu Gln Asp Asn Ile Val Ala Glu Phe Ser Val Asp
 50 55 60
 Glu Thr Gly Gln Met Ser Ala Thr Ala Lys Gly Arg Val Arg Leu Leu
 65 70 75 80
 Asn Asn Trp Asp Val Cys Ala Asp Met Val Gly Thr Phe Thr Asp Thr
 85 90 95
 Glu Asp Pro Ala Lys Phe Lys Met Lys Tyr Trp Gly Val Ala Ser Phe
 100 105 110

Leu Gln Lys Gly Asn Asp Asp His Trp Ile Val Asp Thr Asp Tyr Asp
 115 120 125
 Thr Tyr Ala Val Gln Tyr Ser Cys Arg Leu Leu Asn Leu Asp Gly Thr
 130 135 140
 Cys Ala Asp Ser Tyr Ser Phe Val Phe Ser Arg Asp Pro Asn Gly Leu
 145 150 155 160
 Pro Pro Glu Ala Gln Lys Ile Val Arg Gln Arg Gln Glu Glu Leu Cys
 165 170 175
 Leu Ala Arg Gln Tyr Arg Leu Ile Val His Asn Gly Tyr Cys Asp Gly
 180 185 190
 Arg Ser Glu Arg Asn Leu Leu
 195

<210> 7
 <211> 182
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 7
 Glu Arg Asp Cys Arg Val Ser Ser Phe Arg Val Lys Glu Asn Phe Asp
 1 5 10 15
 Lys Ala Arg Phe Ser Gly Thr Trp Tyr Ala Met Ala Lys Lys Asp Pro
 20 25 30
 Glu Gly Leu Phe Leu Gln Asp Asn Ile Val Ala Glu Phe Ser Val Asp
 35 40 45
 Glu Thr Gly Gln Met Ser Ala Thr Ala Lys Gly Arg Val Arg Leu Leu
 50 55 60
 Asn Asn Trp Asp Val Cys Ala Asp Met Val Gly Thr Phe Thr Asp Thr
 65 70 75 80
 Glu Asp Pro Ala Lys Phe Lys Met Lys Tyr Trp Gly Val Ala Ser Phe
 85 90 95
 Leu Gln Lys Gly Asn Asp Asp His Trp Ile Val Asp Thr Asp Tyr Asp
 100 105 110
 Thr Tyr Ala Val Gln Tyr Ser Cys Arg Leu Leu Asn Leu Asp Gly Thr
 115 120 125
 Cys Ala Asp Ser Tyr Ser Phe Val Phe Ser Arg Asp Pro Asn Gly Leu
 130 135 140
 Pro Pro Glu Ala Gln Lys Ile Val Arg Gln Arg Gln Glu Glu Leu Cys
 145 150 155 160
 Leu Ala Arg Gln Tyr Arg Leu Ile Val His Asn Gly Tyr Cys Asp Gly
 165 170 175

Arg Ser Glu Arg Asn Leu
180

<210> 8
<211> 193
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 8
Met Gln Ser Leu Met Gln Ala Pro Leu Leu Ile Ala Leu Gly Leu Leu
1 5 10 15
Leu Ala Thr Pro Ala Gln Ala His Leu Lys Lys Pro Ser Gln Leu Ser
20 25 30
Ser Phe Ser Trp Asp Asn Cys Asp Glu Gly Lys Asp Pro Ala Val Ile
35 40 45
Arg Ser Leu Thr Leu Glu Pro Asp Pro Ile Val Val Pro Gly Asn Val
50 55 60
Thr Leu Ser Val Val Gly Ser Thr Ser Val Pro Leu Ser Ser Pro Leu
65 70 75 80
Lys Val Asp Leu Val Leu Glu Lys Glu Val Ala Gly Leu Trp Ile Lys
85 90 95
Ile Pro Cys Thr Asp Tyr Ile Gly Ser Cys Thr Phe Glu His Phe Cys
100 105 110
Asp Val Leu Asp Met Leu Ile Pro Thr Gly Glu Pro Cys Pro Glu Pro
115 120 125
Leu Arg Thr Tyr Gly Leu Pro Cys His Cys Pro Phe Lys Glu Gly Thr
130 135 140
Tyr Ser Leu Pro Lys Ser Glu Phe Val Val Pro Asp Leu Glu Leu Pro
145 150 155 160
Ser Trp Leu Thr Thr Gly Asn Tyr Arg Ile Glu Ser Val Leu Ser Ser
165 170 175
Ser Gly Lys Arg Leu Gly Cys Ile Lys Ile Ala Ala Ser Leu Lys Gly
180 185 190

Ile

<210> 9
<211> 193
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 9

```

Met Gln Ser Leu Met Gln Ala Pro Leu Leu Ile Ala Leu Gly Leu Leu
 1           5           10           15

Leu Ala Thr Pro Ala Gln Ala His Leu Lys Lys Pro Ser Gln Leu Ser
          20           25           30

Ser Phe Ser Trp Asp Asn Cys Phe Glu Gly Lys Asp Pro Ala Val Ile
      35           40           45

Arg Ser Leu Thr Leu Glu Pro Asp Pro Ile Val Val Pro Gly Asn Val
 50           55           60

Thr Leu Ser Val Val Gly Ser Thr Ser Val Pro Leu Ser Ser Pro Leu
 65           70           75           80

Lys Val Asp Leu Val Leu Glu Lys Glu Val Ala Gly Leu Trp Ile Lys
          85           90           95

Ile Pro Cys Thr Asp Tyr Ile Gly Ser Cys Thr Phe Glu His Phe Cys
      100           105           110

Asp Val Leu Asp Met Leu Ile Pro Thr Gly Glu Pro Cys Pro Glu Pro
      115           120           125

Leu Arg Thr Tyr Gly Leu Pro Cys His Cys Pro Phe Lys Glu Gly Thr
      130           135           140

Tyr Ser Leu Pro Lys Ser Glu Phe Ala Val Pro Asp Leu Glu Leu Pro
      145           150           155           160

Ser Trp Leu Thr Thr Gly Asn Tyr Arg Ile Glu Ser Val Leu Ser Ser
          165           170           175

Ser Gly Lys Arg Leu Gly Cys Ile Lys Ile Ala Ala Ser Leu Lys Gly
      180           185           190

Ile

```

<210> 10

<211> 178

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 10

```

Leu Leu Ala Thr Pro Ala Gln Ala His Leu Lys Lys Pro Ser Gln Leu
 1           5           10           15

Ser Ser Phe Ser Trp Asp Asn Cys Asp Glu Gly Lys Asp Pro Ala Val
      20           25           30

Ile Arg Ser Leu Thr Leu Glu Pro Asp Pro Ile Val Val Pro Gly Asn
      35           40           45

Val Thr Leu Ser Val Val Gly Ser Thr Ser Val Pro Leu Ser Ser Pro
      50           55           60

```

Leu Lys Val Asp Leu Val Leu Glu Lys Glu Val Ala Gly Leu Trp Ile
 65 70 75 80
 Lys Ile Pro Cys Thr Asp Tyr Ile Gly Ser Cys Thr Phe Glu His Phe
 85 90 95
 Cys Asp Val Leu Asp Met Leu Ile Pro Thr Gly Glu Pro Cys Pro Glu
 100 105 110
 Pro Leu Arg Thr Tyr Gly Leu Pro Cys His Cys Pro Phe Lys Glu Gly
 115 120 125
 Thr Tyr Ser Leu Pro Lys Ser Glu Phe Val Val Pro Asp Leu Glu Leu
 130 135 140
 Pro Ser Trp Leu Thr Thr Gly Asn Tyr Arg Ile Glu Ser Val Leu Ser
 145 150 155 160
 Ser Ser Gly Lys Arg Leu Gly Cys Ile Lys Ile Ala Ala Ser Leu Lys
 165 170 175
 Gly Ile

<210> 11
 <211> 200
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 11
 Arg Ala Gly Pro Pro Phe Pro Met Gln Ser Leu Met Gln Ala Pro Leu
 1 5 10 15
 Leu Ile Ala Leu Gly Leu Leu Leu Ala Ala Pro Ala Gln Ala His Leu
 20 25 30
 Lys Lys Pro Ser Gln Leu Ser Ser Phe Ser Trp Asp Asn Cys Asp Glu
 35 40 45
 Gly Lys Asp Pro Ala Val Ile Arg Ser Leu Thr Leu Glu Pro Asp Pro
 50 55 60
 Ile Ile Val Pro Gly Asn Val Thr Leu Ser Val Met Gly Ser Thr Ser
 65 70 75 80
 Val Pro Leu Ser Ser Pro Leu Lys Val Asp Leu Val Leu Glu Lys Glu
 85 90 95
 Val Ala Gly Leu Trp Ile Lys Ile Pro Cys Thr Asp Tyr Ile Gly Ser
 100 105 110
 Cys Thr Phe Glu His Phe Cys Asp Val Leu Asp Met Leu Ile Pro Thr
 115 120 125
 Gly Glu Pro Cys Pro Glu Pro Leu Arg Thr Tyr Gly Leu Pro Cys His
 130 135 140

Cys Pro Phe Lys Glu Gly Thr Tyr Ser Leu Pro Lys Ser Glu Phe Val
145 150 155 160

Val Pro Asp Leu Glu Leu Pro Ser Trp Leu Thr Thr Gly Asn Tyr Arg
165 170 175

Ile Glu Ser Val Leu Ser Ser Ser Gly Lys Arg Leu Gly Cys Ile Lys
180 185 190

Ile Ala Ala Ser Leu Lys Gly Ile
195 200

<210> 12

<211> 189

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 12

Met Gln Ala Pro Leu Leu Ile Ala Leu Gly Leu Leu Leu Ala Thr Pro
1 5 10 15

Ala Gln Ala His Leu Lys Lys Pro Ser Gln Leu Ser Ser Phe Ser Trp
20 25 30

Asp Asn Cys Asp Glu Gly Lys Asp Pro Ala Val Ile Arg Ser Leu Thr
35 40 45

Leu Glu Pro Asp Pro Ile Val Val Pro Gly Asn Val Thr Leu Ser Val
50 55 60

Val Gly Ser Thr Ser Val Pro Leu Ser Ser Pro Leu Lys Val Asp Leu
65 70 75 80

Val Leu Glu Lys Glu Val Ala Gly Leu Trp Ile Lys Ile Pro Cys Thr
85 90 95

Asp Tyr Ile Gly Ser Cys Thr Phe Glu His Phe Cys Asp Val Leu Asp
100 105 110

Met Leu Ile Pro Thr Gly Glu Pro Cys Pro Glu Pro Leu Arg Thr Tyr
115 120 125

Gly Leu Pro Cys His Cys Pro Phe Lys Glu Gly Thr Tyr Ser Leu Pro
130 135 140

Lys Ser Glu Phe Val Val Pro Asp Leu Glu Leu Pro Ser Trp Leu Thr
145 150 155 160

Thr Gly Asn Tyr Arg Ile Glu Ser Val Leu Ser Ser Ser Gly Lys Arg
165 170 175

Leu Gly Cys Ile Lys Ile Ala Ala Ser Leu Lys Gly Ile
180 185

<210> 13

<211> 193
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 13

```

Met Gln Ser Leu Met Gln Ala Pro Leu Leu Ile Ala Leu Gly Leu Leu
 1           5           10           15

Leu Ala Thr Pro Ala Gln Ala His Leu Lys Lys Pro Ser Gln Leu Ser
      20           25           30

Ser Phe Ser Trp Asp Asn Cys Asp Glu Gly Lys Asp Pro Ala Val Ile
      35           40           45

Arg Ser Leu Thr Leu Glu Pro Asp Pro Ile Val Val Pro Gly Asn Val
      50           55           60

Thr Leu Ser Val Val Gly Ser Thr Ser Val Pro Leu Ser Ser Pro Leu
      65           70           75           80

Lys Val Asp Leu Val Leu Glu Lys Glu Val Ala Gly Leu Trp Ile Lys
      85           90           95

Ile Pro Cys Thr Asp Tyr Ile Gly Ser Cys Thr Phe Glu His Phe Cys
      100          105          110

Asp Val Leu Asp Met Leu Ile Pro Thr Gly Glu Pro Cys Pro Glu Pro
      115          120          125

Leu Arg Thr Tyr Gly Leu Pro Cys His Cys Pro Phe Lys Glu Gly Thr
      130          135          140

Tyr Ser Leu Pro Lys Ser Glu Phe Val Val Pro Asp Leu Glu Leu Pro
      145          150          155          160

Ser Trp Leu Thr Thr Gly Asn Tyr Arg Ile Glu Ser Val Leu Ser Ser
      165          170          175

Ser Gly Lys Arg Leu Gly Cys Ile Lys Ile Ala Ala Ser Leu Lys Gly
      180          185          190

Ile
```

<210> 14
 <211> 193
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 14

```

Met Gln Ser Leu Met Gln Ala Pro Leu Leu Ile Ala Leu Gly Leu Leu
 1           5           10           15

Leu Ala Thr Pro Ala Gln Ala His Leu Lys Lys Pro Ser Gln Leu Ser
      20           25           30

Ser Phe Ser Trp Asp Asn Cys Asp Glu Gly Lys Asp Pro Ala Val Ile
```

35					40					45					
Arg	Ser	Leu	Thr	Leu	Glu	Pro	Asp	Pro	Ile	Val	Val	Pro	Gly	Asn	Val
50						55						60			
Thr	Leu	Ser	Val	Val	Gly	Ser	Thr	Ser	Val	Pro	Leu	Ser	Ser	Pro	Leu
65					70					75					80
Lys	Val	Asp	Leu	Val	Leu	Glu	Lys	Glu	Val	Ala	Gly	Leu	Trp	Ile	Lys
				85					90					95	
Ile	Pro	Cys	Thr	Asp	Tyr	Ile	Gly	Ser	Cys	Thr	Phe	Glu	His	Phe	Cys
			100					105					110		
Asp	Val	Leu	Asp	Met	Leu	Ile	Pro	Thr	Gly	Glu	Pro	Cys	Pro	Glu	Pro
		115					120					125			
Leu	Arg	Thr	Tyr	Gly	Leu	Pro	Cys	His	Cys	Pro	Phe	Lys	Glu	Gly	Thr
	130					135						140			
Tyr	Ser	Leu	Pro	Lys	Ser	Glu	Phe	Val	Val	Pro	Asp	Leu	Glu	Leu	Pro
145					150					155					160
Ser	Trp	Leu	Thr	Thr	Gly	Asn	Tyr	Arg	Ile	Glu	Ser	Val	Leu	Ser	Ser
				165					170					175	
Ser	Gly	Lys	Arg	Leu	Gly	Cys	Ile	Lys	Ile	Ala	Ala	Ser	Leu	Lys	Gly
			180					185						190	

Ile

<210> 15

<211> 193

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 15

Met	Gln	Ser	Leu	Met	Gln	Ala	Pro	Leu	Leu	Ile	Ala	Leu	Gly	Leu	Leu
1				5					10					15	

Leu	Ala	Thr	Pro	Ala	Gln	Ala	His	Leu	Lys	Lys	Pro	Ser	Gln	Leu	Ser
			20					25					30		

Ser	Phe	Ser	Trp	Asp	Asn	Cys	Asp	Glu	Gly	Lys	Asp	Pro	Ala	Val	Ile
		35					40					45			

Arg	Ser	Leu	Thr	Leu	Glu	Pro	Asp	Pro	Ile	Val	Val	Pro	Gly	Asn	Val
		50				55						60			

Thr	Leu	Ser	Val	Val	Gly	Ser	Thr	Ser	Val	Pro	Leu	Ser	Ser	Pro	Leu
65					70					75					80

Lys	Val	Asp	Leu	Val	Leu	Glu	Lys	Glu	Val	Ala	Gly	Leu	Trp	Ile	Lys
				85					90					95	

Ile Pro Cys Thr Asp Tyr Ile Gly Ser Cys Thr Phe Glu His Phe Cys

100 105 110
 Asp Val Leu Asp Met Leu Ile Pro Thr Gly Glu Pro Cys Pro Glu Pro
 115 120 125
 Leu Arg Thr Tyr Gly Leu Pro Cys His Cys Pro Phe Lys Glu Gly Thr
 130 135 140
 Tyr Ser Leu Pro Lys Ser Glu Phe Val Val Pro Asp Leu Glu Leu Pro
 145 150 155 160
 Ser Trp Leu Thr Thr Gly Asn Tyr Arg Ile Glu Ser Val Leu Ser Ser
 165 170 175
 Ser Gly Lys Arg Leu Gly Cys Ile Lys Ile Ala Ala Ser Leu Lys Gly
 180 185 190
 Ile

<210> 16
 <211> 193
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 16
 Met Gln Ser Leu Met Gln Ala Pro Leu Leu Ile Ala Leu Gly Leu Leu
 1 5 10 15
 Leu Ala Thr Pro Ala Gln Ala His Leu Lys Lys Pro Ser Gln Leu Ser
 20 25 30
 Ser Phe Ser Trp Asp Asn Cys Asp Glu Gly Lys Asp Pro Ala Val Ile
 35 40 45
 Arg Ser Leu Thr Leu Glu Pro Asp Pro Ile Val Val Pro Gly Asn Val
 50 55 60
 Thr Leu Ser Val Val Gly Ser Thr Ser Val Pro Leu Ser Ser Pro Leu
 65 70 75 80
 Lys Val Asp Leu Val Leu Glu Lys Glu Val Ala Gly Leu Trp Ile Lys
 85 90 95
 Ile Pro Cys Thr Asp Tyr Ile Gly Ser Cys Thr Phe Glu His Phe Cys
 100 105 110
 Asp Val Leu Asp Met Leu Ile Pro Thr Gly Glu Pro Cys Pro Glu Pro
 115 120 125
 Leu Arg Thr Tyr Gly Leu Pro Cys His Cys Pro Phe Lys Glu Gly Thr
 130 135 140
 Tyr Ser Leu Pro Lys Ser Glu Phe Val Val Pro Asp Leu Glu Leu Pro
 145 150 155 160
 Ser Trp Leu Thr Thr Gly Asn Tyr Arg Ile Glu Ser Val Leu Ser Ser

165 170 175
 Ser Gly Lys Arg Leu Gly Cys Ile Lys Ile Ala Ala Ser Leu Lys Gly
 180 185 190

Ile

<210> 17
 <211> 114
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 17
 Met Thr Cys Lys Met Ser Gln Leu Glu Arg Asn Ile Glu Thr Ile Ile
 1 5 10 15
 Asn Thr Phe His Gln Tyr Ser Val Lys Leu Gly His Pro Asp Thr Leu
 20 25 30
 Asn Gln Gly Glu Phe Lys Glu Leu Val Arg Lys Asp Leu Gln Asn Phe
 35 40 45
 Leu Lys Lys Glu Asn Lys Asn Glu Lys Val Ile Glu His Ile Met Glu
 50 55 60
 Asp Leu Asp Thr Asn Ala Asp Lys Gln Leu Ser Phe Glu Glu Phe Ile
 65 70 75 80
 Met Leu Met Ala Arg Leu Thr Trp Ala Ser His Glu Lys Met His Glu
 85 90 95
 Gly Asp Glu Gly Pro Gly His His His Lys Pro Gly Leu Gly Glu Gly
 100 105 110

Thr Pro

<210> 18
 <211> 93
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 18
 Met Leu Thr Glu Leu Glu Lys Ala Leu Asn Ser Ile Ile Asp Val Tyr
 1 5 10 15
 His Lys Tyr Ser Leu Ile Lys Gly Asn Phe His Ala Val Tyr Arg Asp
 20 25 30
 Asp Leu Lys Lys Leu Leu Glu Thr Glu Cys Pro Gln Tyr Ile Arg Lys
 35 40 45
 Lys Gly Ala Asp Val Trp Phe Lys Glu Leu Asp Ile Asn Thr Asp Gly
 50 55 60

Ala Val Asn Phe Gln Glu Phe Leu Ile Leu Val Ile Lys Met Gly Val
 65 70 75 80

Ala Ala His Lys Lys Ser His Glu Glu Ser His Lys Glu
 85 90

<210> 19
 <211> 92
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 19
 Met Thr Lys Leu Glu Glu His Leu Glu Gly Ile Val Asn Ile Phe His
 1 5 10 15
 Gln Tyr Ser Val Arg Lys Gly His Phe Asp Thr Leu Ser Lys Gly Glu
 20 25 30
 Leu Lys Gln Leu Leu Thr Lys Glu Leu Ala Asn Thr Ile Lys Asn Ile
 35 40 45
 Lys Asp Lys Ala Val Ile Asp Glu Ile Phe Gln Gly Leu Asp Ala Asn
 50 55 60
 Gln Asp Glu Gln Val Asp Phe Gln Glu Phe Ile Ser Leu Val Ala Ile
 65 70 75 80
 Ala Leu Lys Ala Ala His Tyr His Thr His Lys Glu
 85 90

<210> 20
 <211> 92
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 20
 Met Thr Lys Leu Glu Glu His Leu Glu Gly Ile Val Asn Ile Phe His
 1 5 10 15
 Gln Tyr Ser Val Arg Lys Gly His Phe Asp Thr Leu Ser Lys Gly Glu
 20 25 30
 Leu Lys Gln Leu Leu Thr Lys Glu Leu Ala Asn Thr Ile Lys Asn Ile
 35 40 45
 Lys Asp Lys Ala Val Ile Asp Glu Ile Phe Gln Gly Leu Asp Ala Asn
 50 55 60
 Gln Asp Glu Gln Val Asp Phe Gln Glu Phe Ile Ser Leu Val Ala Ile
 65 70 75 80
 Ala Leu Lys Ala Ala His Tyr His Thr His Lys Glu
 85 90

<210> 21
 <211> 91
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 21
 Thr Lys Leu Glu Glu His Leu Glu Gly Ile Val Asn Ile Phe His Gln
 1 5 10 15
 Tyr Ser Val Arg Lys Gly His Phe Asp Thr Leu Ser Lys Gly Glu Leu
 20 25 30
 Lys Gln Leu Leu Thr Lys Glu Leu Ala Asn Thr Ile Lys Asn Ile Lys
 35 40 45
 Asp Lys Ala Val Ile Asp Glu Ile Phe Gln Gly Leu Asp Ala Asn Gln
 50 55 60
 Asp Glu Gln Val Asp Phe Gln Glu Phe Ile Ser Leu Val Ala Ile Ala
 65 70 75 80
 Leu Lys Ala Ala His Tyr His Thr His Lys Glu
 85 90

<210> 22
 <211> 93
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 22
 Met Leu Thr Glu Leu Glu Lys Ala Leu Asn Ser Ile Ile Asp Val Tyr
 1 5 10 15
 His Lys Tyr Ser Leu Ile Lys Gly Asn Phe His Ala Val Tyr Arg Asp
 20 25 30
 Asp Leu Lys Lys Leu Leu Glu Thr Glu Cys Pro Gln Tyr Ile Arg Lys
 35 40 45
 Lys Gly Ala Asp Val Trp Phe Lys Glu Leu Asp Ile Asn Thr Asp Gly
 50 55 60
 Ala Val Asn Phe Gln Glu Phe Leu Ile Leu Val Ile Lys Met Gly Val
 65 70 75 80
 Ala Ala His Lys Lys Ser His Glu Glu Ser His Lys Glu
 85 90

<210> 23
 <211> 92
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 23

Met Thr Lys Leu Glu Glu His Leu Glu Gly Ile Val Asn Ile Phe His
 1 5 10 15

Gln Tyr Ser Val Arg Lys Gly His Phe Asp Thr Leu Ser Lys Gly Glu
 20 25 30

Leu Lys Gln Leu Leu Thr Lys Glu Leu Ala Asn Thr Ile Lys Asn Ile
 35 40 45

Lys Asp Lys Ala Val Ile Asp Glu Ile Phe Gln Gly Leu Asp Ala Asn
 50 55 60

Gln Asp Glu Gln Val Asp Phe Gln Glu Phe Ile Ser Leu Val Ala Ile
 65 70 75 80

Ala Leu Lys Ala Ala His Tyr His Thr His Lys Glu
 85 90

<210> 24

<211> 85

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 24

Asp Asn Gly Asp Val Cys Gln Asp Cys Ile Gln Met Val Thr Asp Ile
 1 5 10 15

Gln Thr Ala Val Arg Thr Asn Ser Thr Phe Val Gln Ala Leu Val Glu
 20 25 30

His Val Lys Glu Glu Cys Asp Arg Leu Gly Pro Gly Met Ala Asp Ile
 35 40 45

Cys Lys Asn Tyr Ile Ser Gln Tyr Ser Glu Ile Ala Ile Gln Met Met
 50 55 60

Met His Met Gln Asp Gln Gln Pro Lys Glu Ile Cys Ala Leu Val Gly
 65 70 75 80

Phe Cys Asp Glu Val
 85

<210> 25

<211> 381

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 25

Met Ala Glu Ser His Leu Leu Gln Trp Leu Leu Leu Leu Pro Thr
 1 5 10 15

Leu Cys Gly Pro Gly Thr Ala Ala Trp Thr Thr Ser Ser Leu Ala Cys
 20 25 30

Ala	Gln	Gly	Pro	Glu	Phe	Trp	Cys	Gln	Ser	Leu	Glu	Gln	Ala	Leu	Gln	35	40	45	
Cys	Arg	Ala	Leu	Gly	His	Cys	Leu	Gln	Glu	Val	Trp	Gly	His	Val	Gly	50	55	60	
Ala	Asp	Asp	Leu	Cys	Gln	Glu	Cys	Glu	Asp	Ile	Val	His	Ile	Leu	Asn	65	70	75	80
Lys	Met	Ala	Lys	Glu	Ala	Ile	Phe	Gln	Asp	Thr	Met	Arg	Lys	Phe	Leu	85	90	95	
Glu	Gln	Glu	Cys	Asn	Val	Leu	Pro	Leu	Lys	Leu	Leu	Met	Pro	Gln	Cys	100	105	110	
Asn	Gln	Val	Leu	Asp	Asp	Tyr	Phe	Pro	Leu	Val	Ile	Asp	Tyr	Phe	Gln	115	120	125	
Asn	Gln	Ile	Asp	Ser	Asn	Gly	Ile	Cys	Met	His	Leu	Gly	Leu	Cys	Lys	130	135	140	
Ser	Arg	Gln	Pro	Glu	Pro	Glu	Gln	Glu	Pro	Gly	Met	Ser	Asp	Pro	Leu	145	150	155	160
Pro	Lys	Pro	Leu	Arg	Asp	Pro	Leu	Pro	Asp	Pro	Leu	Leu	Asp	Lys	Leu	165	170	175	
Val	Leu	Pro	Val	Leu	Pro	Gly	Ala	Leu	Gln	Ala	Arg	Pro	Gly	Pro	His	180	185	190	
Thr	Gln	Asp	Leu	Ser	Glu	Gln	Gln	Phe	Pro	Ile	Pro	Leu	Pro	Tyr	Cys	195	200	205	
Trp	Leu	Cys	Arg	Ala	Leu	Ile	Lys	Arg	Ile	Gln	Ala	Met	Ile	Pro	Lys	210	215	220	
Gly	Ala	Leu	Arg	Val	Ala	Val	Ala	Gln	Val	Cys	Arg	Val	Val	Pro	Leu	225	230	235	240
Val	Ala	Gly	Gly	Ile	Cys	Gln	Cys	Leu	Ala	Glu	Arg	Tyr	Ser	Val	Ile	245	250	255	
Leu	Leu	Asp	Thr	Leu	Leu	Gly	Arg	Met	Leu	Pro	Gln	Leu	Val	Cys	Arg	260	265	270	
Leu	Val	Leu	Arg	Cys	Ser	Met	Asp	Asp	Ser	Ala	Gly	Pro	Arg	Ser	Pro	275	280	285	
Thr	Gly	Glu	Trp	Leu	Pro	Arg	Asp	Ser	Glu	Cys	His	Leu	Cys	Met	Ser	290	295	300	
Val	Thr	Thr	Gln	Ala	Gly	Asn	Ser	Ser	Glu	Gln	Ala	Ile	Pro	Gln	Ala	305	310	315	320
Met	Leu	Gln	Ala	Cys	Val	Gly	Ser	Trp	Leu	Asp	Arg	Glu	Lys	Cys	Lys	325	330	335	
Gln	Phe	Val	Glu	Gln	His	Thr	Pro	Gln	Leu	Leu	Thr	Leu	Val	Pro	Arg	340	345	350	

Gly Trp Asp Ala His Thr Thr Cys Gln Ala Leu Gly Val Cys Gly Thr
 355 360 365

Met Ser Ser Pro Leu Gln Cys Ile His Ser Pro Asp Leu
 370 375 380

<210> 26
 <211> 379
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 26
 Met Ala Glu Ser His Leu Leu Gln Trp Leu Leu Leu Leu Leu Pro Thr
 1 5 10 15

Leu Cys Gly Pro Gly Thr Ala Ala Trp Thr Thr Ser Ser Leu Ala Cys
 20 25 30

Ala Gln Gly Pro Glu Phe Trp Cys Gln Ser Leu Glu Gln Ala Leu Gln
 35 40 45

Cys Arg Ala Leu Gly His Cys Leu Gln Glu Val Trp Gly His Val Gly
 50 55 60

Ala Asp Asp Leu Cys Gln Glu Cys Glu Asp Ile Val His Ile Leu Asn
 65 70 75 80

Lys Met Ala Lys Glu Ala Ile Phe Gln Asp Thr Met Arg Lys Phe Leu
 85 90 95

Glu Gln Glu Cys Asn Val Leu Pro Leu Lys Leu Leu Met Pro Gln Cys
 100 105 110

Asn Gln Val Leu Asp Asp Tyr Phe Pro Leu Val Ile Asp Tyr Phe Gln
 115 120 125

Asn Gln Thr Asp Ser Asn Gly Ile Cys Met His Leu Gly Cys Lys Ser
 130 135 140

Arg Gln Pro Glu Pro Glu Gln Glu Pro Gly Met Ser Asp Pro Leu Pro
 145 150 155 160

Lys Pro Leu Arg Asp Pro Leu Pro Asp Pro Leu Leu Asp Lys Leu Val
 165 170 175

Leu Pro Val Leu Pro Gly Ala Leu Gln Ala Arg Pro Gly Pro His Thr
 180 185 190

Gln Asp Leu Ser Glu Gln Gln Phe Pro Ile Pro Leu Pro Tyr Cys Trp
 195 200 205

Cys Arg Ala Leu Ile Lys Arg Ile Gln Ala Met Ile Pro Lys Gly Ala
 210 215 220

Leu Arg Val Ala Val Ala Gln Val Cys Arg Val Val Pro Leu Val Ala
 225 230 235 240

```
<210> 27
<211> 527
<212> PRT
<213> Homo sapiens
```

```

<400> 27
Met Tyr Ala Leu Phe Leu Leu Ala Ser Leu Leu Gly Ala Ala Leu Ala
  1             5             10             15

Gly Pro Val Leu Gly Leu Lys Glu Cys Thr Arg Gly Ser Ala Val Trp
          20             25             30

Cys Gln Asn Val Lys Thr Ala Ser Asp Cys Gly Ala Val Lys His Cys
          35             40             45

Leu Gln Thr Val Trp Asn Lys Pro Thr Val Lys Ser Leu Pro Cys Asp
  50             55             60

Ile Cys Lys Asp Val Val Thr Ala Ala Gly Asp Met Leu Lys Asp Asn
  65             70             75             80

Ala Thr Glu Glu Glu Ile Leu Val Tyr Leu Glu Lys Thr Cys Asp Trp
          85             90             95

Leu Pro Lys Pro Asn Met Ser Ala Ser Cys Lys Glu Ile Val Asp Ser
          100             105             110

Tyr Leu Pro Val Ile Leu Asp Ile Ile Lys Gly Glu Met Ser Arg Pro
          115             120             125

```


Gly Glu Val Cys Ser Ala Leu Asn Leu Cys Glu Ser Leu Gln Lys His
 130 135 140
 Leu Ala Glu Leu Asn His Gln Lys Gln Leu Glu Ser Asn Lys Ile Pro
 145 150 155 160
 Glu Leu Asp Met Thr Glu Val Val Ala Pro Phe Met Ala Asn Ile Pro
 165 170 175
 Leu Leu Leu Tyr Pro Gln Asp Gly Pro Arg Ser Lys Pro Gln Pro Lys
 180 185 190
 Asp Asn Gly Asp Val Cys Gln Asp Cys Ile Gln Met Val Thr Asp Ile
 195 200 205
 Gln Thr Ala Val Arg Thr Asn Ser Thr Phe Val Gln Ala Leu Val Glu
 210 215 220
 His Val Lys Glu Glu Cys Asp Arg Leu Gly Pro Gly Met Ala Asp Ile
 225 230 235 240
 Cys Lys Asn Tyr Ile Ser Gln Tyr Ser Glu Ile Ala Ile Gln Met Met
 245 250 255
 Met His Met Gln Asp Gln Gln Pro Lys Glu Ile Cys Ala Leu Val Gly
 260 265 270
 Phe Cys Asp Glu Val Lys Glu Met Pro Met Gln Thr Leu Val Pro Ala
 275 280 285
 Lys Val Ala Ser Lys Asn Val Ile Pro Ala Leu Glu Leu Val Glu Pro
 290 295 300
 Ile Lys Lys His Glu Val Pro Ala Lys Ser Asp Val Tyr Cys Glu Val
 305 310 315 320
 Cys Glu Phe Leu Val Lys Glu Val Thr Lys Leu Ile Asp Asn Asn Lys
 325 330 335
 Thr Glu Lys Glu Ile Leu Asp Ala Phe Asp Lys Met Cys Ser Lys Leu
 340 345 350
 Pro Lys Ser Leu Ser Glu Glu Cys Gln Glu Val Val Asp Thr Tyr Gly
 355 360 365
 Ser Ser Ile Leu Ser Ile Leu Leu Glu Glu Val Ser Pro Glu Leu Val
 370 375 380
 Cys Ser Met Leu His Leu Cys Ser Gly Thr Arg Leu Pro Ala Leu Thr
 385 390 395 400
 Val His Val Thr Gln Pro Lys Asp Gly Gly Phe Cys Glu Val Cys Lys
 405 410 415
 Lys Leu Val Gly Tyr Leu Asp Arg Asn Leu Glu Lys Asn Ser Thr Lys
 420 425 430
 Gln Glu Ile Leu Ala Ala Leu Glu Lys Gly Cys Ser Phe Leu Pro Asp

435 440 445
 Pro Tyr Gln Lys Gln Cys Asp Gln Phe Val Ala Glu Tyr Glu Pro Val
 450 455 460
 Leu Ile Glu Ile Leu Val Glu Val Met Asp Pro Ser Phe Val Cys Leu
 465 470 475 480
 Lys Ile Gly Ala Cys Pro Ser Ala His Lys Pro Leu Leu Gly Thr Glu
 485 490 495
 Lys Cys Ile Trp Gly Pro Ser Tyr Trp Cys Gln Asn Thr Glu Thr Ala
 500 505 510
 Ala Gln Cys Asn Ala Val Glu His Cys Lys Arg His Val Trp Asn
 515 520 525

 <210> 28
 <211> 523
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

 <400> 28
 Met Tyr Ala Leu Phe Leu Leu Ala Ser Leu Leu Gly Ala Ala Leu Ala
 1 5 10 15
 Gly Pro Val Leu Gly Leu Lys Glu Cys Thr Arg Gly Ser Ala Val Trp
 20 25 30
 Cys Gln Asn Val Lys Thr Ala Ser Asp Cys Gly Ala Val Lys His Cys
 35 40 45
 Leu Gln Thr Val Trp Asn Lys Pro Thr Val Lys Ser Leu Pro Cys Asp
 50 55 60
 Ile Cys Lys Asp Val Val Thr Ala Ala Gly Asp Met Leu Lys Asp Asn
 65 70 75 80
 Ala Thr Glu Glu Glu Ile Leu Val Tyr Leu Glu Lys Thr Cys Asp Trp
 85 90 95
 Leu Pro Lys Pro Asn Met Ser Ala Ser Cys Lys Glu Ile Val Asp Ser
 100 105 110
 Tyr Leu Pro Val Ile Leu Asp Ile Ile Lys Gly Glu Met Ser Arg Pro
 115 120 125
 Gly Glu Val Cys Ser Ala Leu Leu Cys Glu Ser Leu Gln Lys His Leu
 130 135 140
 Ala Glu Leu Asn His Gln Lys Gln Leu Glu Ser Asn Lys Ile Pro Glu
 145 150 155 160
 Leu Asp Met Thr Glu Val Val Ala Pro Phe Met Ala Asn Ile Pro Leu
 165 170 175
 Leu Leu Tyr Pro Gln Asp Gly Pro Arg Ser Lys Pro Gln Pro Lys Asp

180					185					190						
Asn	Gly	Asp	Val	Cys	Gln	Asp	Cys	Ile	Gln	Met	Val	Thr	Asp	Ile	Gln	
195					200					205						
Thr	Ala	Val	Arg	Thr	Asn	Ser	Thr	Phe	Val	Gln	Ala	Leu	Val	Glu	His	
210					215					220						
Val	Lys	Glu	Glu	Cys	Asp	Arg	Leu	Gly	Pro	Gly	Met	Ala	Asp	Ile	Cys	
225					230					235					240	
Lys	Asn	Tyr	Ile	Ser	Gln	Tyr	Ser	Glu	Ile	Ala	Ile	Gln	Met	Met	Met	
245					250					255						
His	Met	Gln	Pro	Lys	Glu	Ile	Cys	Ala	Leu	Val	Gly	Phe	Cys	Asp	Glu	
260					265					270						
Val	Lys	Glu	Met	Pro	Met	Gln	Thr	Leu	Val	Pro	Ala	Lys	Val	Ala	Ser	
275					280					285						
Lys	Asn	Val	Ile	Pro	Ala	Leu	Glu	Leu	Val	Glu	Pro	Ile	Lys	Lys	His	
290					295					300						
Glu	Val	Pro	Ala	Lys	Ser	Asp	Val	Tyr	Cys	Glu	Val	Cys	Glu	Phe	Leu	
305					310					315					320	
Val	Lys	Glu	Val	Thr	Lys	Leu	Ile	Asp	Asn	Asn	Lys	Thr	Glu	Lys	Glu	
325					330					335						
Ile	Leu	Asp	Ala	Phe	Asp	Lys	Met	Cys	Ser	Lys	Leu	Pro	Lys	Ser	Leu	
340					345					350						
Ser	Glu	Glu	Cys	Gln	Glu	Val	Val	Asp	Thr	Tyr	Gly	Ser	Ser	Ile	Leu	
355					360					365						
Ser	Ile	Leu	Leu	Glu	Glu	Val	Ser	Pro	Glu	Leu	Val	Cys	Ser	Met	Leu	
370					375					380						
His	Leu	Cys	Ser	Gly	Thr	Arg	Leu	Pro	Ala	Leu	Thr	Val	His	Val	Thr	
385					390					395					400	
Gln	Pro	Lys	Asp	Gly	Gly	Phe	Cys	Glu	Val	Cys	Lys	Lys	Leu	Val	Gly	
405					410					415						
Tyr	Leu	Asp	Arg	Asn	Leu	Glu	Lys	Asn	Ser	Thr	Lys	Gln	Glu	Ile	Leu	
420					425					430						
Ala	Ala	Leu	Glu	Lys	Gly	Cys	Ser	Phe	Leu	Pro	Asp	Pro	Tyr	Gln	Lys	
435					440					445						
Gln	Cys	Asp	Gln	Phe	Val	Ala	Glu	Tyr	Glu	Pro	Val	Leu	Ile	Glu	Ile	
450					455					460						
Leu	Val	Glu	Val	Met	Asp	Pro	Ser	Phe	Val	Cys	Leu	Lys	Ile	Gly	Ala	
465					470					475					480	
Cys	Pro	Ser	Ala	His	Lys	Pro	Leu	Leu	Gly	Thr	Glu	Lys	Cys	Ile	Trp	
485					490					495						

Gly Pro Ser Tyr Trp Cys Gln Asn Thr Glu Thr Ala Ala Gln Cys Asn
 500 505 510

Ala Val Glu His Cys Lys Arg His Val Trp Asn
 515 520

<210> 29

<211> 380

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 29

Met Ala Glu Ser His Leu Leu Gln Trp Leu Leu Leu Leu Leu Pro Thr
 1 5 10 15

Leu Cys Gly Pro Gly Thr Ala Ala Trp Thr Thr Ser Ser Leu Ala Cys
 20 25 30

Ala Gln Gly Pro Glu Phe Trp Cys Gln Ser Leu Glu Gln Ala Leu Gln
 35 40 45

Cys Arg Ala Leu Gly His Cys Leu Gln Glu Val Trp Gly His Val Gly
 50 55 60

Ala Asp Asp Leu Cys Gln Glu Cys Glu Asp Ile Val His Ile Leu Asn
 65 70 75 80

Lys Met Ala Lys Glu Ala Ile Phe Gln Asp Thr Met Arg Lys Phe Leu
 85 90 95

Glu Gln Glu Cys Asn Val Leu Pro Leu Lys Leu Leu Met Pro Gln Cys
 100 105 110

Asn Gln Val Leu Asp Asp Tyr Phe Pro Leu Val Ile Asp Tyr Phe Gln
 115 120 125

Asn Gln Thr Asp Ser Asn Gly Ile Cys Met His Gly Leu Cys Lys Ser
 130 135 140

Arg Gln Pro Glu Pro Glu Gln Glu Pro Gly Met Ser Asp Pro Leu Pro
 145 150 155 160

Lys Pro Leu Arg Asp Pro Leu Pro Asp Pro Leu Leu Asp Lys Leu Val
 165 170 175

Leu Pro Val Leu Pro Gly Ala Leu Gln Ala Arg Pro Gly Pro His Thr
 180 185 190

Gln Asp Leu Ser Glu Gln Gln Phe Pro Ile Pro Leu Pro Tyr Cys Trp
 195 200 205

Leu Cys Arg Ala Leu Ile Lys Arg Ile Gln Ala Met Ile Pro Lys Gly
 210 215 220

Ala Leu Ala Val Ala Val Ala Gln Val Cys Arg Val Val Pro Leu Val
 225 230 235 240

Ala Gly Gly Ile Cys Gln Cys Leu Ala Glu Arg Tyr Ser Val Ile Leu
 245 250 255

Leu Asp Thr Leu Leu Gly Arg Met Leu Pro Gln Leu Val Cys Arg Leu
 260 265 270

Val Leu Arg Cys Ser Met Asp Asp Ser Ala Gly Pro Arg Ser Pro Thr
 275 280 285

Gly Glu Trp Leu Pro Arg Asp Ser Glu Cys His Leu Cys Met Ser Val
 290 295 300

Thr Thr Gln Ala Gly Asn Ser Ser Glu Gln Ala Ile Pro Gln Ala Met
 305 310 315 320

Leu Gln Ala Cys Val Gly Ser Trp Leu Asp Arg Glu Lys Cys Lys Gln
 325 330 335

Phe Val Glu Gln His Thr Pro Gln Leu Leu Thr Leu Val Pro Arg Gly
 340 345 350

Trp Asp Ala His Thr Thr Cys Gln Ala Leu Gly Val Cys Gly Thr Met
 355 360 365

Ser Ser Pro Leu Gln Cys Ile His Ser Pro Asp Leu
 370 375 380

<210> 30
 <211> 4124
 <212> ADN
 <213> Homo sapiens

<400> 30
 atgagagaat gggttctgct catgtccgtg ctgctctgtg gcctggctgg cccacacac 60
 ctgttccagc caagcctggt gctggacatg gccaaaggtcc tcttggataa ctactgcttc 120
 ccggagaacc tgctgggcat gcaggaagcc atccagcagg ccatcaagag ccatgagatt 180
 ctgagcatct cagacccgca gacgctggcc agtgtgctga cagccggggt gcagagctcc 240
 ctgaacgata ctgcctggt catctcctat gagccagca ccccgagcc tccccacaa 300
 gtcccagcac tcaccagcct ctcaagaagag gaactgcttg cctggctgca aaggggcctc 360
 cgccatgagg ttctggaggg taatgtgggc tacctgcggg tggacagcgt cccgggccag 420
 gaggtgctga gcatgatggg ggagttcctg gtggcccacg tgtgggggaa tctcatgggc 480
 acctccgcct tagtgctgga tctccggcac tgcacaggag gccaggcttc tggcattccc 540
 tacatcatct cctacctgca ccaggggaac accatcctgc acgtggacac tatctacaac 600
 cgccccctca acaccaccac ggagatctgg accttgcccc aggtcctggg agaaaggtag 660
 ggtgccgaca aggatgtggt ggtcctcacc agcagccaga ccaggggcgt ggccgaggac 720
 atcgcgaca tccttaagca gatgcgcagg gccatcgtgg tgggcgagcg gactggggga 780
 ggggcccctg acctccggaa gctgaggata ggcgagtctg acttcttctt cacggtgccc 840
 gtgtccaggt ccctggggcc ccttggtgga ggcagccaga cgtgggaggg cagcggggtg 900
 ctgccctgtg tggggactcc ggccgagcag gccctggaga aagccctggc cactctcact 960
 ctgcgcagcg cccttccagg ggtagtccac tgcctccagg aggtcctgaa ggactactac 1020
 acgtggttg accgtgtgcc caccctgtcg cagcacttgg ccagcatgga cttctccacg 1080
 gtggtctccg aggaagatct ggtcaccaag ctcaatgccg gcctgcaggc tgcgtctgag 1140
 gatcccaggc tcctgggtgcg agccatcggg cccacagaaa ctcttcttgg gcccgcgccc 1200
 gacgctgcag ccgaagactc accaggggtg gcccagagt tgcctgagga cgaggctatc 1260
 cggcaagcac tgggtggactc tgtgttccag gtgtcgggtg tgccaggcaa tgtgggctac 1320
 ctgcgcttcg atagtitttg tgacgcctcc gtccctgggtg tgttggtccc atatgtcctg 1380
 cgccaggtgt gggagccgct acaggacacg gagcacctca tcatggacct gcgccacaac 1440

cctggagggc	catcctctgc	tgtgccctcg	ctcctgtcct	acttccaggg	ccctgaggcc	1500
ggccccgtgc	acctctttcac	cacctatgat	cgccgcacca	acatcacgca	ggagcacttc	1560
agccacatgg	agctcccggg	cccacgctac	agcaccacaac	gtgggggtgta	tctgctcacc	1620
agccaccgca	ccgccacggc	cgccgaggag	ttcgcttcc	ttatgcagtc	gctgggctgg	1680
gccacactgg	taggtgagat	caccgcgggc	aacctgctgc	acacccgcac	ggtgccgctg	1740
ctggacacac	ccgaaggcag	cctcgcgctc	accgtgccgg	tcctcacctt	catcgacaat	1800
cacggcgagg	cctggctggg	tgggtggagt	gtgcccgatg	ccatcgtgct	ggccgaggag	1860
gccctggaca	aagcccagga	agtgcctggag	ttccaccaaa	gcctggggggc	cttgggtggag	1920
ggcacagggc	acctgctgga	ggcccactat	gctcggccag	aggtcgtggg	gcagaccagt	1980
gccctcctgc	gggccaaagt	ggcccagggc	gcctaccgca	cagctgtgga	cttggagtct	2040
ctggcctctc	agctcacagc	agacctccag	gaggtgtctg	gggaccaccg	cttgctagt	2100
ttccacagcc	ctggcgagct	ggtggtagag	gaagcacccc	caccaccccc	tgctgtcccc	2160
tctccagagg	agctcaccta	ccttattgag	gccctgttca	agacagaggt	gctgcccggc	2220
cagctgggct	acctgcgttt	tgacgccatg	gctgaactgg	agacagtga	ggccgtgggg	2280
ccacagctgg	tgccgctggg	atggcaacag	ctggtggaca	cggctgcgct	ggtgatcgac	2340
ctgcgctaca	accctggcag	ctactccacg	gccatcccgc	tgctctgctc	ctacttcttt	2400
gaggcagagc	cccgccagca	cctgtattct	gtctttgaca	gggccacctc	aaaagtccacg	2460
gaggtgtgga	ccttgcccca	ggtcgccggc	cagcgctacg	gctcacacaa	ggacctctac	2520
atcctgatga	gccacaccag	tggctctgcg	gcgaggcct	ttgcacacac	catgcaggac	2580
ctgcagcggg	ccacggtcat	tggggagccc	acggccggag	gcgcactctc	tgtgggcatc	2640
taccaggtgg	gcagcagccc	cttatatgca	tccatgccc	ccagatggc	catgagtgcc	2700
accacaggca	aggcctggga	cctggctggg	gtggagccc	acatcactgt	gcccattgagc	2760
gaagcccttt	ccatagccca	ggacatagtg	gctctgcgtg	ccaagggtgcc	cacggtgctg	2820
cagacggccg	ggaagctggg	ggctgataac	tatgcctctg	ccgagctggg	ggccaagatg	2880
gccaccaaac	tgagcggctc	gcagagccgc	tactccaggg	tgacctcaga	agtggcccta	2940
gccgagatcc	tgggggctga	cctgcagatg	ctctccggag	acccacacct	gaaggcagcc	3000
catatccctg	agaatgccaa	ggaccgcatt	cctggaattg	tgcccatgca	gatcccttcc	3060
cctgaagtat	ttgaagagct	gatcaagttt	tccttccaca	ctaactgtgt	tgaggacaac	3120
attggctact	tgaggtttga	catgtttggg	gacggtgagc	tgctcaccga	ggtctccagg	3180
ctgctggtgg	agcacatctg	gaagaagatc	atgcacacgg	atgccatgat	catcgacatg	3240
aggttcaaca	tcggtggccc	cacatcctcc	attcccatct	tgtgtctcta	cttctttgat	3300
gaaggccctc	cagttctgct	ggacaagatc	tacagccggc	ctgatgactc	tgtcagtga	3360
ctctggacac	acgcccaggt	tgtaggtgaa	cgctatggct	ccaagaagag	catggtcatt	3420
ctgaccagca	gtgtgacggc	cggcaccgcg	gaggagtcca	cctatatcat	gaagaggctg	3480
ggccggggccc	tggtcattgg	ggagggtgacc	agtgggggct	gccagccacc	acagacctac	3540
cacgtggatg	acaccaacct	ctacctcact	atccccacgg	cccgttctgt	gggggcctcg	3600
gatggcagct	cctgggaagg	ggtgggggtg	acaccccatg	tggttgtccc	tgcaagaag	3660
gctctcgcca	gggccaagga	gatgtccag	cacaaccagc	tgagggtgaa	gcggagccca	3720
ggcctgcagg	accacctgta	gggaaggggc	ccataggcag	agccccaggg	cagacagaac	3780
ctctgggaca	cacaccaagg	gcactcctgc	aggtggcccg	gcctgaggtt	cccaggagca	3840
gcaaaggggc	ctgctgagct	ctgggttaggt	tacagctgga	ggtgtgtata	tatacacaca	3900
cacacatgta	tatacacata	tatatgtgta	tgtatatata	tgtatatata	tatggctttc	3960
caataaccac	ctaaatttta	acaaaggttc	cttctaagt	gtagaacttg	gggtgggtatt	4020
tttaccttcc	ttcttcatac	tttgctcttt	ttcttaata	ctcattaatg	tgcatatata	4080
attattttca	gatgcagcta	tcattattcc	aaaatacaaa	ataa		4124

<210> 31

<211> 579

<212> ADN

<213> Homo sapiens

<400> 31

atgcarwsny	tnatgcargc	nccnytnytn	athgcnynyng	gnytnytnyt	ngcnacnccn	60
gcncargcnc	ayytnaaraa	rcnwnsncar	ytwnswnsnt	tywsntggga	yaaytgygay	120
garggnaarg	aycngcngt	nathmgnwsn	ytnacnytnng	arccngaycc	nathgtngtn	180
ccnggnaayg	tnacnytnws	ngtngtnggn	wsnacnwsng	tnccnytnws	nwsnccnytn	240
aargtngayy	tngtnytnga	raargargtn	gcnggnytn	ggathaarat	hccntgyacn	300
gaytayathg	gnwsntgyac	nttygarca	tytgygayg	tnytngayat	gytnathccn	360

```

acnggngarc cntgyccnga rccnytnmgn acntayggny tnccntgyca ytgyccntty 420
aargarggna cntaywsnyt nccnaarwsn garttygtng tnccngayyt ngarytnccn 480
wsntggytna cnaacnggnaa ytaymgnath garwsngtny tnwsnwsnws nggnaarmgn 540
ytnggntgya thaarathgc ngcnwsnytn aarggnath 579

```

```

<210> 32
<211> 633
<212> ADN
<213> Homo sapiens

```

```

<400> 32
tttcttttgcg taaccaatac tgggaaggcat ttaaaggacc tctgccgcct cagaccttgc 60
agttaactcc gccctgaccc acccttccc atgcagtccc tgatgcaggc tccctcctg 120
atcgccctgg gcttgcttct cgcgacccct gcgcaagccc acctgaaaaa ggtgagtgc 180
ccctctttta agagtctgtt tgcagcctcc tggcccagct acgggtgtgc gggctctggc 240
gagatatggg ggtggccact ccgttctcta gaattggttc tctgcactag agccttccaa 300
agtaactaat tatgggattc tgggtctgtac aatgaggggtg gcctctaaag acttgttctg 360
ctccaggccc tttttggaga gattaatctc acgtctgcac tctcctgccc tccctccaag 420
cgccggagtg aaaatgcaga cagccttaaa actaaggcat tgcccccagg agattcagtc 480
ctgttaaccc tgcaccttac tcctgacccc cactccttat gtcccccattg ataaggcctg 540
ctgcctcacc tcttccctg ctogaatgcc ctgaggtctt cctgagagtt gggaggggtt 600
gagagcttcc caaggccaag aggattcact aag 633

```

```

<210> 33
<211> 1047
<212> ADN
<213> Homo sapiens

```

```

<400> 33
caggagcttg ccctcttget gggattccaa cgctggctgg agaggagtgg gcagcagggg 60
gggtgggaagt cagagaagggt gcccaccaa ggccatttag gtcagtctcc tgtttggaag 120
ttccagggtct atcatatcct gccttatagt ttacaataca cttttgggag attatgtctt 180
ttgagtcttt tagtttagtc ctgcctataa aatgagtagg ataagtgtta tcccagggtt 240
ataggatatgg agtctcatag atgaggtcca gggacggggg tgccctaccc aaggtcacac 300
tgccaggagc tcatttttcc tgtgatctgt gatagttctt tttgtcaacc tttttcttct 360
tctccttctt tgtgtcctga ttgtccccag ccattcccagc tcagtagctt ttcctgggat 420
aactgtatag aagggaaggga ccctgcgggtg atcagaagcc tgactctgga gcctgacccc 480
atcgctgctt ctggaaatgt gaccctcagc gtgctgggca gcaccagtgt cccctgagt 540
tctcctctga aggtgagcct ggggggtgggt ggagaagggg aggtgagagg gtctggccag 600
caggggtact ggggcatgta tgcttgggga actgtgaaga atttcagaat cctggattcc 660
cagagaatag tacaggacat gtagattcag acactcttcc acagggtcat ggaatctcag 720
gatcataaga ttgaaaggaa tctctgatgt cagcgccagc aacttcctgg tgagggcagg 780
agtgcaggat accttgcacc tggcagaagc gtccctggcct tctctgggcc tgggtggccaa 840
ctgctcatta ttatctgaca gctctgggtg gccaatcttg ttttgctgtt aattataaaa 900
ttgatatacc aattagccag taatatatag tcactttaga aaacacaagt ggtcaaaaaa 960
taaataaaat aggccaagtg tggtaacttc atgcctgtaa ttcccacacc cttaggaggc 1020
tgaagggtggg tgggatcctt tttgagg 1047

```

```

<210> 34
<211> 1706
<212> ADN
<213> Homo sapiens

```

```

<400> 34
acagtagatg ccagtgcatt tcaatgcaag tgtagagacc aatcaatggg tagtgactac 60
ctaaagaatt ttaagactat ggattgagca tgatggctca cggcctgtaa tcccagcctt 120

```

tggaagggtga	aggtgaaagg	attgcttgag	gccaggagtt	ccagaccagc	ttgggcaaca	180
aagttagagccc	catctctaca	aaaaatacaa	aattagctgg	gtgtggtggc	atgtgacctgt	240
ctgtgtttcc	cacctacatg	ggaggctgag	gcaggaggat	cgtctgagcc	caggagtttg	300
aggctgcagt	gagtgcagtg	agccatgata	caaaaaaaaa	aaataaagaa	ttctaagtct	360
atgtatagtt	cagtgtaggg	ggaaaattca	catttgatta	ttaatgtctg	ccatgggcac	420
aataatacac	tatactcaca	catgggccac	aatgttgcca	ttcctagaac	agactatctc	480
taagatctca	tccagttaaa	aattctatga	ttaaaatata	ttgctgcttt	tttgaagaca	540
gaagagctgg	tatgtttgcc	ctggaattta	cacttataac	ctttttcaaa	cctttgtttt	600
atTTTTTTTT	accaggtgga	tttagttttg	gagaaggagg	tggctggcct	ctggatcaag	660
atcccatgca	cagactacat	tggcagctgt	acctttgaac	acttctgtga	tgtgcttgac	720
atgttaattc	ctactgggga	gccctgcccc	gagccccctgc	gtacctatgg	gcttccttgc	780
cactgtccct	tcaaagaagt	aagtacttag	ggaggagaga	gcgttaccce	tgtggctaaa	840
gagatggggg	ttggagagaa	gggtctttgc	attctccttc	tgcagatctg	catgtctctg	900
gatttgtaag	ccagtgtgac	ctatcaggaa	tcacttatct	tccgggagcc	tcagttatcc	960
atctacgaaa	tgggagactt	gaacttagat	gtgatcttca	gggcccttta	tccatataat	1020
ccatgctcta	cagtgtctatg	gccgtctctc	atcttgtgcg	gctgttttga	gaatgggaag	1080
aggggtggta	gttcatggct	gcaatcctag	cagtggctct	aggagaaaga	ccccatcagt	1140
aggctcccac	tgactggcgg	tccactggct	ttcccgaggg	gaacctactc	actgccccag	1200
agcgaattcg	ttgtgcctga	cctggagctg	cccagttggc	tcaccaccgg	gaactaccgc	1260
atagagagcg	tcctgagcag	cagtgggaag	cgtctgggct	gcacaaagat	cgctgcctct	1320
ctaaagggca	tatagcatgg	catctgccac	agcagaatgg	agcgggtgtga	ggaagggtccc	1380
ttttcctctg	ttttgtgttt	gccaaggcca	aactcccact	ctctgcccc	ctttaatccc	1440
ctttctacag	tgagtccact	accctcactg	aaaatcattt	tgtaccactt	acatttttagg	1500
ctgggggcaag	cagccctgac	ctaagggaga	atgagttgga	cagttcttga	tagccagggg	1560
catctgctgg	gctgaccacg	ttactcatcc	ccgttaacat	tctctctaaa	gagcctcggt	1620
cattttccaaa	gcagtttaag	aatgggaaca	gagtgtttta	ggacctgaag	aatcttttatg	1680
actctctctc	tttctctctt	tttttt				1706

<210> 35

<211> 633

<212> ADN

<213> Homo sapiens

<400> 35

tttcttttgcg	taaccaatac	tggaaggcat	ttaaaggacc	tctgccgcct	cagaccttgc	60
agttaactcc	gccctgaccc	acccttcccc	atgcagtcce	tgatgcagge	ttccctcctg	120
atcgccctgg	gcttgcttct	cgcgacccct	gcgcaagccc	acctgaaaaa	ggtagagtga	180
ccctctttta	agagtctgtt	tgcagccctc	tggcccagct	acgggtgtgc	gggtctggct	240
gagatatggg	gggtggccact	ccgttctcta	gaattgggtc	tctgcactag	agccttccaa	300
agtaactaat	tatgggattc	tggctctgtac	aatgaggggt	gcctctaaag	acttggtctg	360
ctccaggccc	tttttggaga	gattaatctc	acgtctgcac	tctcctgccc	ttccctccaa	420
cgccggagtg	aaaatgcaga	cagccttaaa	actaaggcat	tgcccccaag	agattcagtc	480
ctgttaaccc	tgcaccttac	tctgacccc	cactccttat	gtcccccatg	ataaggcctg	540
ctgcctcatc	tcttccccctg	ctcgaatgcc	ctgaggtctt	cctgagagtt	gggaggggtt	600
gagagccttc	caaggccaag	aggattcact	aag			633

<210> 36

<211> 1047

<212> ADN

<213> Homo sapiens

<400> 36

caggagcttg	ccctcttgct	gggattccaa	cgctggctgg	agaggagtg	gcagcagggg	60
ggtaggggaag	cagagaagg	gcccacccaa	ggcctattag	gtcagtcctc	tgtttggaag	120
ttccaggctc	atcatatcct	gccttatagt	ttacaatata	cttttgggag	attatgtctt	180
ttgagctctt	tagtttagtc	ctgcctataa	aatgagtagg	ataagtgtta	ttccagggtc	240
ataggtatgg	agtctcatag	atgaggctca	gggacggggg	tgctcacc	aaggctcacac	300


```

tgccaggagc tcatttttcc tgtgatctgt gatagtttct tttgtcaacc tttttcttct 360
tctccttctc tgctgcctga ttgtccccag ccatcccagc tcagtagctt ttcctgggat 420
aactgtgatg aagggaaagg ccctgcggtg atcagaagcc tgactctgga gcctgacccc 480
atcgtcgttc ctggaaatgt gaccctcagt gtcgtgggca gcaccagtgt ccccttgagt 540
tctcctctga aggtgagcct ggggggtgggt ggagaagggg aggtgcgagg gtctggccag 600
caggggtact ggggcatgta tgcttgggga actgtgaaga atttcagaat cctggattcc 660
cagagaatag tacaggacat gtagattcag acactcttct acaggttcat ggaatctcag 720
gatcataaga ttgaaaggaa tctctgatgt cagcgccagc aacttctctg tgagggcagg 780
agtgcaggat accttgcacc tggcagaagc gtccctggcct tctctgggcc tggtaggcaa 840
ctgctcatta ttatctgaca gctctggttg gccaattttg ttttgcgtgt aattataaaa 900
ttgatatacc aattagccag taatatatag tcactttaga aaacacaagt ggtcaaaaaa 960
taaataaaat aggccaagtg tggtaacttc atgcctgtaa tccccacacc cttaggaggc 1020
tgaagggtggg tgggatcctt tttgagg 1047

```

<210> 37

<211> 1706

<212> ADN

<213> Homo sapiens

<400> 37

```

acagtagatg ccagtgcatt tcaatgcaag tgtagagacc aatcaatggg tagtgactac 60
ctaaagaatt ttaagactat ggattgagca tgatggctca cggcctgtaa tcccagcctt 120
tggaagggtga aggtgaaagg attgcttgag gccaggaggt ccagaccagc ttgggcaaca 180
aagttagagcc catctctaca aaaaatacaa aattagctgg gtgtgggtggc atgtgcctgt 240
ctgtgtttcc cacctacatg ggaggctgag gcaggaggat cgtctgagcc caggagtttg 300
aggctgcagt gagtgcagtg agccatgata caaaaaaaa aaataaagaa ttctaagtct 360
atgtatagtt cagtgtaggg ggaaaattca catttgatta ttaatgtctg ccatgggcac 420
aataatacac tatactcaca catgggccac aatggttgcca ttcttagaac agactatctc 480
taagatctca tccagttaaa aattctatga ttaaaatata ttgctgcttt tttgaagaca 540
gaagagctgg tatgtttgcc ctggaattta cacttataac ctttttcaaa cctttgtttt 600
attttttttt accagggtga tttagttttg gagaaggagg tggctggcct ctggatcaag 660
atcccatgca cagactacat tggcagctgt acctttgaac acttctgtga tgtgcttgac 720
atgttaattc ctactgggga gccctgcccga gagccctgc gtacctatgg gcttccttgc 780
cactgtccct tcaaagaagt aagtacttag ggaggagaga gcgttacccc tgtggctaaa 840
gagatggggg ttggagagaa gggctcttgc attctccttc tgcagatctg catgtctctg 900
gatattgtaag ccagtgtgac ctatcaggaa tcacttatct tccgggagcc tcagttatcc 960
atctacgaaa tgggagactt gaacttagat gtgatcttca gggcccttta tccatataat 1020
ccatgctcta cagtgtctat gccgtctctc atcttgctgc gctgttttga gaatgggaag 1080
aggggtggta gttcatggct gcaatcctag cagtggctct aggagaaaga ccccatcag 1140
aggctcccac tgactggcg tccactggct tcccgcagg gaacctactc actgccccag 1200
agcgaattcg ttgtgcctga cctggagctg cccagttggc tcaccaccgg gaactaccgc 1260
atagagagcg tctgagcag cagtgggaag cgtctgggct gcatcaagat cgctgcctct 1320
ctaaagggca tatagcatgg catctgccac agcagaatgg agcgggtgtga ggaagggtccc 1380
ttttcctctg ttttgtgttt gccaaaggcca aactcccact ctctgcccc ctttaatccc 1440
ctttctacag tgagtccact accctcactg aaaatcattt tgtaccactt acatttttagg 1500
ctggggcaag cagccctgac ctaagggaga atgagttgga cagttcttga tagcccaggg 1560
catctgctgg gctgaccacg ttactcatcc ccgttaacat tctctctaaa gagcctcgtt 1620
catttccaaa gcagtttaagg aatgggaaca gagtgtttta ggacctgaag aatcttttatg 1680
actctctctc tttctctctt tttttt 1706

```

<210> 38

<211> 1043

<212> ADN

<213> Homo sapiens

<400> 38

```

tttcttttgcg taaccaatac tggaaggcat ttaaaggacc tctgccgcct cagaccttgc 60

```

```

agttaactcc gccctgaccc acccttcccg atgcagtcct tgatgcaggc tccccctcctg 120
atcgccctgg gcttgcttct cgcgacccct gcgcaagccc acctgaaaaa gccatcccag 180
ctcagtagct tttcctggga taactgtgat gaagggaagg accctgcggt gatcagaagc 240
ctgactctgg agcctgaccc catcgctcgtt cctggaaatg tgaccctcag tgtcgtgggc 300
agcaccagtg tccccctgag ttctcctctg aagggtggatt tagttttgga gaaggagggtg 360
gctggcctct ggatcaagat cccatgcaca gactacattg gcagctgtac ctttgaacac 420
ttctgtgatg tgcttgacat gttaattcct actggggagc cctgcccaga gcccctgcgt 480
acctatgggc ttccttgcca ctgtcccttc aaagaaggaa cctactcact gcccagagc 540
gaattcggtg tgccctgacct ggagctgccc agttggctca ccaccgggaa ctaccgcata 600
gagagcgtcc tgagcagcag tgggaagcgt ctgggctgca tcaagatcgc tgcctctcta 660
aagggcataat agcatggcat ctgccacagc agaattggagc ggtgtgagga aggtcccttt 720
tcctctgttt tgtgtttgcc aaggccaaac tcccactctc tgccccctt taatccctt 780
tctacagtga gtccactacc ctactgaaa atcattttgt accacttaca ttttaggctg 840
gggcaagcag ccctgacctt agggagaatg agttggacag ttcttgatag cccagggcat 900
ctgctgggct gaccacgtta ctcatccccg ttaacattct ctctaaagag cctcgttcat 960
ttccaaagca gttaaggaat gggaaacagag tgttttagga cctgaagaat ctttatgact 1020
ctctctcttt ctctcttttt ttt 1043

```

<210> 39

<211> 1047

<212> ADN

<213> Homo sapiens

<400> 39

```

caggagcttg ccctcttgct gggattccaa cgctggcttg agaggagtgg gcagcagggg 60
ggtgggaagt cagagaaggt gccacccaaa ggctatttag gtcagtctcc tgtttggaag 120
ttccaggtct atcatatcct gccttatagt ttacaataca cttttgggag attatgtctt 180
ttgagtcttt tagtttagtc ctgcctataa aatgagtagg ataagtgtta tcccagggtt 240
ataggtatgg agtctcatag atgaggctca gggacggggg tgctcacc aaggctcacac 300
tgccaggagc tcatttttcc tgtgatctgt gatagtttct tttgtcaacc tttttcttct 360
tctccttctt tgctgcctga ttgtccccag ccatcccagc tcagtagctt ttctgggat 420
aactgtgatg aagggaagga ccctgcggtg atcagaagcc tgactctgga gcctgacccc 480
atcgctgctt ctggaaatgt gaccctcagt gtcgtgggca gcaccagtgt ccccctgagt 540
tctcctctga aggtgagcct ggggggtgggt ggagaagggg aggtgagagg gtctggccag 600
caggggtact ggggcatgta tgcttgggga actgtgaaga atttcagaat cctggattcc 660
cagagaatag tacaggacat gtagattcag acactcttcc acaggttcac ggaatctcag 720
gatcataaga ttgaaaggaa tctctgatgt cagcgccagc aacttcctgg tgagggcagg 780
agtgcaggat accttgcacc tggcagaagc gtccctggcct tctctgggcc tgggtggccaa 840
ctgctcatta ttatctgaca gctctgggtg gccaatttgg ttttgctgtt aattataaaa 900
ttgatatacc aattagccag taatatatag tcactttaga aaacacaagt ggtcaaaaaa 960
taaataaaat agggcaagtg tggtaaactt atgcctgtaa tttccacacc cttaggaggg 1020
tgaagggtgg tggtatcctt tttgagg 1047

```

<210> 40

<211> 1705

<212> ADN

<213> Homo sapiens

<400> 40

```

acagtagatg ccagtgattt caatgcaagt gttagagcca atcaatgggt agtgactacc 60
taaagaattt taagactatg gattgagcat gatggctcac ggctgtaat cccagccttt 120
ggaagggtgaa ggtgaaagga ttgcttgagg ccaggagttc cagaccagct tgggcaacaa 180
agtgcacccc atctctacaa aaaatacaaa attagctggg tgtggtggca tgtgcctgtc 240
tggtgttccc acctacatgg gaggtgagg caggaggatc gtctgagccc aggagtttga 300
ggctgcagtg agtgcagtga gccatgatac aaaaaaaaaa aataaagaat tctaagtcta 360
tgtatagttc agtgtagggg gaaaattcac atttgattat taatgtctgc catgggcaca 420
ataatacact atactcacac atgggccaca atgttgccat tcctagaaca gactatctct 480

```

```

aagatctcat ccagttaaaa attctatgat taaaatatat tgctgctttt ttgaagacag 540
aagagctggg atgtttgccc tggaaatttac acttataacc tttttcaaac ctttgtttta 600
ttttttttta ccagggtggat ttagtttttg agaaggaggt ggctggcctc tggatcaaga 660
tcccatgcac agactacatt ggcagctgta cttttgaaca cttctgtgat gtgcttgaca 720
tggttaattcc tactggggag cctgcccag agccctgcg tacctatggg cttccttgcc 780
actgtccctt caaagaagta agtacttagg gaggagagag cgttaccct gtggctaaaag 840
agatgggggt tggagagaag ggtctttgca ttctcctct gcagatctgc atgtctctgg 900
atgtgttaagc cagtgtgacc tatcaggaat cacttatctt ccgggagcct cagttatcca 960
tctacgaaat gggagacttg aacttagatg tgatcttcag ggccctttat ccatataatc 1020
catgctctac agtgctatgg ccgtctctca tcttgctgag ctgttttgag aatgggaaga 1080
ggggtggtag ttcattggct caatcctagc agtggctcta ggagaaagac cccatcagta 1140
ggctccact gactggcggt ccactggctt tcccgaggg aacctactca ctgccaaga 1200
gccaattcgt tgtgcctgac ctggagctgc ccagttggct caccaccggg aactaccgca 1260
tagagagcgt cctgagcagc agtgggaagc gtctgggctg catcaagatc gctgcctctc 1320
taaagggcat atagcatggc atctgccaca gcagaatgga gcggtgtgag gaaggtccct 1380
tttctctctg tttgtgtttg ccaaggccaa actccactc tctgcccccc tttaatcccc 1440
tttctacagt gagtccacta cctcactga aaatcatttt gtaccactta cattttaggc 1500
tggggcaagc agccctgacc taaggagaga tgagttggac agttcttgat agcccagggc 1560
atctgctggg ctgaccacgt tactcatccc cgtaaactt ctctctaaag agcctcgttc 1620
atctccaaag cagttaagga atgggaacag agtgttttag gacctgaaga atctttatga 1680
ctctctctct tctctctctt ttttt 1705

```

<210> 41

<211> 1043

<212> ADN

<213> Homo sapiens

<400> 41

```

tttcttttgc taaccaatac tgggaaggcat ttaaaggacc tctgccgcct cagaccttgc 60
agttaaactcc gccctgaccc acccttcccg atgcagtcct tgatgcaggc tccctcctg 120
atcgccctgg gcttgcttct cgcgaccct gcgcaagccc acctgaaaaa gccatcccag 180
ctcagtagct tttctggga taactgtgat gaagggaagg accctgcggt gatcagaagc 240
ctgactctgg agcctgaccc catcgtcgtt cctggaaatg tgaccctcag tgcgtgggc 300
agcaccagtg tccctctgag ttctctctct aagggtgatt tagttttgga gaaggaggtg 360
gctggcctct ggatcaagat cccatgcaca gactacattg gcagctgtac ctttgaacac 420
ttctgtgatg tgcttgacat gttaatcct actggggagc cctgccaga gccctgcgt 480
acctatgggc ttcttgcca ctgtccctt aaagaaggaa cctactcact gccaagagc 540
gaattcggtg tgctgacct ggagctgccc agttggctca ccaccggga ctaccgcata 600
gagagcgtcc tgagcagcag tgggaagcgt ctgggctgca tcaagatcgc tgctctcta 660
aaggcctat agcatggcat ctgccacag agaattggagc ggtgtgagga aggtccctt 720
tctctgtttt tgtgtttgcc aaggccaaac tccactctc tgccccctt taatccccct 780
tctacagtga gtccactacc ctactgaaa atcattttgt accacttaca ttttaggctg 840
gggcaagcag cctgacctc agggagaatg agttggacag ttcttgatag cccagggcat 900
ctgctgggct gaccacgtta ctcatcccc ttaacattct ctctaaagag cctcgttcat 960
ttccaaagca gttaaggaat ggggaacagag tgtttttagga cctgaagaat ctttatgact 1020
ctctctcttt ctctcttttt ttt 1043

```

<210> 42

<211> 342

<212> ADN

<213> Homo sapiens

<400> 42

```

atgacntgya aratgwsnca rytngarmgn aayathgara cnathathaa yacnttycay 60
cartaywsng tnaarytngg ncayccngay acnytnaayc argngartt yaargarytn 120
gtnmgnaarg ayytncaraa yttyttnaar aargaraaya araaygaraa rgtnathgar 180
cayathatgg argayytnga yacnaaygcn gayaarcary tnwsnttyga rgarttyath 240

```

atgytnatgg cnmgnytnac ntgggcnwsn caygaraara tgcaygargg ngaygarggn 300
ccnggncayc aycayaarec nggnytnngn garggnacnc cn 342

<210> 43
<211> 4195
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 43
ttccaccttt tggctcttgt aaataatgct gctatgaaca tgaatgtaca aacatctgtt 60
tgaatccctg cattcaattc ttttgcatat ataccagga gcagaatgat ggatcatatg 120
gtaattctgt gtttatttat ttgaggaaca aacttgccgt tttccataac agctgcacta 180
ttttacattc ccactaacag tgcattagga tttcaattct ctatgccctc accaacactt 240
gttttctggg ttttaaaaga agtagtagtc atcctttagt gtgtcagggtg gtatctcatt 300
gtcgttttgc ttcattgttt cctaaagatt agtaattttc atatgcttat tgaccatttg 360
tatactctct tcggagaagt gtctatttga gtctttcccc aattttgatt ggtttgtttg 420
ttttttgttg ttgagttgta gggattcttt tatattctgg atattaatcc cttatcagat 480
atttgtttta caaatatttt ctttgtaaca acagaaacac accacagtct tcaagggttg 540
aagccagtta atctgagtag cattttgtta gtggtgggga gaggatttgt tctctctgaa 600
atcctgggga attggccacc tctctctctc ctcttaggca tgaagcgcgt ctggcttctc 660
caaagaactc tttccctcca ctacctcaga gttagcttcc tctcttcagc cagtgtacct 720
ggggtcccag acacaataat taaccaagag aggggtgaaag gctccctgct gtgtttatgc 780
aatggctcag gcccttgtga agtgccgagg gacccaagc agcctccatc tcccagggca 840
tggtccatcc ccagctttca cagaacagga aagctgtgga ggagtgtggg cagcagggtg 900
ggaatggata tagcccttgg caacaacaca tttccccaca aagcaccac caaaaagaac 960
aacaacgata gttttagttt ttagtaatga gaacaatagt tctcatgact aaaagccatc 1020
agccaggaca ctgttctcaa cccttttgcg gtctttggac ctttgaaac tctgacagaa 1080
gccatggagg aatgttctca ctgagtgcat gcactcaaaa tgatgcattc aacttcaatt 1140
cagtttccag gatgtatggc ctgaccacca atgcagggga ttagcaatcg caatagtggg 1200
gagggcatgg gagtgggaat ctggctggat caagcaagtg gatgccagca gccagaaaa 1260
agagccccc tacctgcttt tctcttctcg ggcactattg cccagcaaat gccttctctc 1320
ttcgccttct cctacctccc cacccaaaat ttctattctg cacagtgatt gccacattca 1380
ctggttgaga aacagagact gtagcaactc tggcaggag aagctgtctc tgatggcctg 1440
aagctgtggg cagctggcca agcctaaccg ctataaaaag gagctgcctc tcagccctgc 1500
atgtctcttg tcagctgtct ttcagaagac ctggttaagt ggactgtctg ggttggcccc 1560
gcacttttgg cttctcttgg ggagggtcag ggaagtggag cagccttctc gagagaggag 1620
agagaaagct cagggaggtc tggagcaaag atactcctgg aggtggggag tgaggcaggg 1680
ataaggaagg agagtacct ccagcacctt ccagtgggta agggcacatt gtctcctagg 1740
ctggactttt cttgagcaga ggggtgggtg gtaaggaaag tctacgggccc cccgtgtgtg 1800
tgcacatgtc tctgtgtgaa tggacccttc cccttcccac acgtgtatcc ctatcatccc 1860
acccttccca ccagaggcca tagccatctg ctggtttggt tatttgagag tgcaggccag 1920
gacaaggcca tcgcttgggg catgaatcct ctgcgtactg ccctggccag atgcaaatc 1980
cctgccatgg gattccccag aaggttctgt ttttcagggt gggcaagttc cgtgggcatc 2040
atgttgaccg agctggagaa agccttgaac tctatcatcg acgtctacca caagtactcc 2100
ctgataaagg ggaatttcca tgccgtctac agggatgacc tgaagaaatt gctagagacc 2160
gagtgtctc agtatatcag ggtgaggagg ggctgggtgt ggcgggggct ctctgcctgg 2220
tcttggggct gccctgggccc agcggctctc cctgccacc ttcatagatg ctatgcctcg 2280
gctctctctg agatctttaa actctggctt ctctctctc aatcttgaca gaaaaaggg 2340
gcagacgtct ggttcaaaga gttggatata aacactgatg gtgcagttaa cttccaggag 2400
ttctcatctc tgggtgataaa gatgggcgtg gcagcccaca aaaaaagcca tgaagaaagc 2460
caciaaagag agctgagtta ctgggcccag aggtggggcc cctggacatg tacctgcaga 2520
ataataaagt catcaatacc tcatgcctct ctcttatgct tttgtggaat gaggttctc 2580
gggtgtggag gaggggttga aaacccaaag gaagaaaaag aaatctatgt tatcccacc 2640
tacctctcac aagcctttcc tgcctttacc ctacactggc ctctgcccc cattccttca 2700
gcccctcatt tcgagcattg gatttgaggc ttaaggattc aaaaagtcgt catgaatata 2760
gctgatgatt ttatagtggg tctgaaatgg gtccgggatt tgggaacagg gtggtagtat 2820
aagaacaact gatactgttc tctaagctaa atcttagctt ccagctacct gtcttagatg 2880
tggtctcttg gaaccttaga gtgatagcta catagaagtg tgtgggtgtg tgtgtgtgtg 2940

```

tctgtgtgtg tgtgtgtgag agagagacag acagaaagag agcaagagag ggaagggggg 3000
agaggctgat tgtgtgtgtg gtgtgatgta ggtggacaat gttcagagtc ctccattaac 3060
aggataatcc tcacacctgt ccacatacct gtagttttgtc cttggggatt ttgaaaattt 3120
ttcctccctc tccactccca aactcccaac tcaattaaat gataaaggaa taggcaaata 3180
ggaaaataaaa ttagtaaaaac ttaagtcaaa gaatagggtta ttcatacgct gcctatggga 3240
ttctatgctt tgtgatcaga aaattatcta aaaaatactt cccaagggct ggtacaaggg 3300
aggccagaag acgagtgggtt cttctctgag gtggacatta aaaaaagaag aaaatgaagg 3360
ggaacctttt gacaagaatg tcaccccaaa ctggattttc atgctgtggt gtggggaatt 3420
ttctgtttgtc ctcacttagg tgctggggca gtgggtgttag tgatgggtaa aaaggtagga 3480
agctgtcaca gaatcactaa accaggggtc ttaacttgct tgtctataca tctctgaaat 3540
tgggttgaag ttgtgtgcat ctttttgagt gacgcactga gaacattcct ccacggcttc 3600
catcgagagt ctcgaaaagg cccaacacct caaaaagggt aagaacactt gtcctgctta 3660
ctgggttttta gtaacaaatg gcagagtatt tctctctgtc tctctctctt tttttttttt 3720
tttttttgag acacaggggtc ttgtctgtca cgtggactag agtacaatgg gcatgatcat 3780
ggggtcactg tagcctcgaa cacctgggct caagtaatcc tcccacctca gcctctttag 3840
tagctgggac tacagcatga gccactgccc ttggctaatt tttaaattat tttttttag 3900
agatggaaac ttgctatggt gccagggcta gtctcaaact cctggactca agcgatcctc 3960
ctaccttggc ctcccaaagt gctgagatta cagtgtgatc cacaccacac ctggccaaag 4020
attggagtat ttttattgct attgtttgtc tgggtgggtg ggtgggtgta tgctttgtgg 4080
ggacgtgtgt tgttgccaag ggctaaatca gttcctaccc tgctgcccac agtcctccac 4140
agctttcctg ctctgtgaag ctaaggatac accccgatga taagctgtca acata 4195

```

```

<210> 44
<211> 477
<212> ADN
<213> Homo sapiens

```

```

<400> 44
tttttttttt ttttttttgg ataaagactt atttattatt tatcttatca tttcccagaa 60
caaaggccat tgagtaagcc attcccttta aacttgggtg ggcagctgtc acatggctga 120
cctcttaatt acttcccaca gcctttgcca tgactgtggc catgcccacg tgggttgttc 180
tcatgcagct tctcatgaca ggcaaagatc aactttgcca tcagcatcat acactcctca 240
aagctcagct gattgtcctg gtttgtgtcc aggtcctcca tgatgtcatt tatgagggtc 300
tcatttctct tctctttctt cataaaagggt tgccaaactg tgcttcccac catttggtct 360
gaattccttc ttgctcaggg tgtagggngng ggtcttctct cttaaagtat tgatgaaagg 420
gggccagatg ggggggttat gctgcgctcc atctgaaaag tggctttggt gggccat 477

```

```

<210> 45
<211> 406
<212> ADN
<213> Homo sapiens

```

```

<400> 45
tttttttttt tttttttttt ttttggagga agagacttta tttggcccca gccctagcc 60
ccacagccaa gacagtttga cataacaggc cccggggccc tggttgggtg gaggcagggt 120
ggcctggcct cctgattagt ggctgtggcc gtggccacca tgactgtggc cgtggccggg 180
gccactgtga tcttggccac tgtggtctta gggggtgccc tccccaggc ctggcttatg 240
gtggtggcca gggccctcgt caccctcgtg cattttttcg tgggaggccc aggttagcct 300
cgccatcagc atgatgaact cctggagctc agctgcttgt ctgcatttgg gtccaggctc 360
tccatgatgt gttctatgac cttttcatte ttattctcct tcttga 406

```

```

<210> 46
<211> 425
<212> ADN
<213> Homo sapiens

```

<400> 46

```

ggaggaagag actttatttg gccccagccc ctatccccac agccaagaca gtttgacata 60
acaggccccc gggccctggg tgggtaaagg cagggtggcc tggcctcctg attagtggct 120
gtggccgtgg ccaccatgac tgtggccgtg gccgtggcca ctgtgatctt ggccactgtg 180
gtcttagggg gtgccctccc cgaggcctgg cttatgggtg tggccagggc cctcgtcacc 240
ctcgtgcatc ttctcgtggg agggccaggt tagcctcgcc atcagcatga tgaactcctc 300
gaagctcagc tgcttgtctg catttgtgtc caggtcctcc atgatgtgtt ctatgacctt 360
ttcattctta ttctccttct tgagaaaatt ttgcagatct ttctgcacca gctcttngaa 420
ttccc                                     425

```

<210> 47

<211> 565

<212> ADN

<213> Homo sapiens

<400> 47

```

aattcgctcg gctttgacag agtgcaagac gatgacttgc aaaatgtcgc agctggaacg 60
caacatagag accatcatca acaccttcca ccaatactct gtgaagctgg ggcacccaga 120
caccctgaac cagggggaat tcaaagagct ggtgcgaaaa gatctgcaaa attttctcaa 180
gaaggagaat aagaatgaaa aggtcataga acacatcatg gaggacctgg acacaaatgc 240
agacaagcag ctgagcttcg aggagtcat catgctgatg gcgaggctaa cctgggcctc 300
ccacgagaag atgcacgagg gtgacgaggg ccctggccac caccataagc caggcctcgg 360
ggagggcacc ccctaagacc acagtggcca agatcacagt ggccacggcc atggccacag 420
tcatggtggc cacggccaca ggccactaat caggaggcca ggccaccctg cctctacca 480
accagggccc cggggcctgt tatgtcaaac tgtcttggct gtggggctag gggctggggc 540
caaataaagt ctcttcctcc aagct                                     565

```

<210> 48

<211> 430

<212> ADN

<213> Homo sapiens

<400> 48

```

gacttggagg aagagacttt atttggcccc agcccctagc cccacagcca agacagtttg 60
acataacagg ccccgggggc ctggttgggt agaggcaggg tggcctggcc tcctgattag 120
tggctgtggc cgtggccacc atgactgttg ccgtggccgt ggccactgtg atcttggcca 180
ctgtggtctt aggggggtgc ctccccgagg cctggcttat ggtggtggcc agggccctcg 240
tcacctcgt gcatcttctc gtgggaggcc cagggttagc tcgccatcag catgatgaac 300
tcctcgaagc tcagctgctt gtctgcattt gtgtccaggt cctccatgat gtgttctatg 360
accttttcat tcttattctc cttcttgaga aaattttgca gatcttttcg caccagctct 420
ttgaattccc                                     430

```

<210> 49

<211> 305

<212> ADN

<213> Homo sapiens

<400> 49

```

tgacttggag gaaaaaactt tatttggccc cagcccctag cccacagcc aaaacagt 60
gacataacag gccccggggc cctggttggg tagaggcagg ggggcctggc ctctgatta 120
gtggctgtgg ccggggccac catgactgtg gccggggccg gggccactgt gatcttgcca 180
ctggggtctt aggggggtgc ctccccgagg cctggtttat ggtggtggcc agggcccttg 240
tcaccttgt gcattttttc gtgggaggcc cagggttagc tcgccatcag catgatgaac 300
tcctc                                     305

```

<210> 50
 <211> 452
 <212> ADN
 <213> Homo sapiens

<400> 50
 ggaggaagag actttatattg gccccagccc ctagcccccac agccaagaca gtttgacata 60
 acaggcccccg gggccctggt tgggtagagg cagggtggcc tggcctcctg attagtggct 120
 gtggccgtgg ccaccatgac tgtggccgtg gccgtggcca ctgtgatctt ggccactgtg 180
 gtcttagggg gtgccctccc cgaggcctgg cttatggtgg tggccagggc cctcgtcacc 240
 ctcgtgcatt ttctcgtggg agggccagggt tagcctcggc atcagcatga tgaactcctc 300
 gaagctcagc tgcttgtctg catttgtgtc caggctcctc atgatgtgtt ctatgacctt 360
 ttcatcttta ttctccttct tgagaaaatt ttgcagatct tttcgcacca gctctttgaa 420
 ttccccctgg ttcagggtgt ctgggtgccc ca 452

<210> 51
 <211> 4439
 <212> ADN
 <213> Homo sapiens

<400> 51
 atcactgtgg agtaggggaa gggcactcct ygggtggcaa ggtgggaggt gggccctgtg 60
 ttcccacagt gggcagggag gtagtgaaag ggaagctggc cggacaggaa gggccattcc 120
 aagagggcct tgtgcgcagg gctaagccaa gctttctcca taggcaatgg ggagcaactg 180
 gaggttcgta gcaggagaag gacacatcaa gccaccagg aggctaagta aaaacagtgt 240
 tctcccaagt tataagtcc tggaaacctt gctgggagca ggatttagaa aaatgatgct 300
 gagagatgct agaaacatat tcgccctgag gctctctcac tcagactgca agaggaaggt 360
 atcatcagaa ttgcccttaa ccaggaacca gaatagctgg gtccccttcc tgccaagtca 420
 gcaaccagct atgtgacctt gctcaggctc atctccgggt gtcagtttct tcatctacaa 480
 tgcaagaggg ttgccacct ctgagaacct ttctaacct aaatctcacc ctatgaatct 540
 aagaacacaa cccctcgcca tcctaagtat cacagagcca ggcaagcatg ggtgagagct 600
 cagaccatcc ttgttgact aaaaggaagg ggcagactgc catggggggc agccgagagg 660
 gtcaggcccc cataggtcct cagcctgctt caacctcaaa ggggatgggg ggctgagtgg 720
 tgccagagga gcagcaggct cgctcgggga gagtagggcc ttaggataga agggaaatga 780
 actaaacaac cagcttcctg caaaccagtt tcaggccagg gctgggaatt tcacaaaaaa 840
 gcagaaggcg attctgtgaac cctcctgccc ccgcccagc ccccttctg gcagcattag 900
 cacactgctc acctgtgaag caatcttccg gagacagggc caaagggcaa gtgccccagt 960
 caggagctgc ctataaatgc cgagcctgca cagctctggc aaacactctg tgtggctcct 1020
 cggctttggt aagtgagctg ccagcttccc caggcagaag cctgcctgcc gattccttct 1080
 ttcttccctt gacccaaact ccttccaaat cctcctccta gaagccctcc ttggttggcc 1140
 ctgcctactt taaagcttct ttcacathtt cttaggtcat gttccccctg ggccctcctg 1200
 cctcaaatgc tttgcttttt ggcaactctg agatattcta aaaaatcatt ttgtacatgt 1260
 gtgtgacagg ccatctccca gtttaagttgc agcctgtgct ttctttttat ttgcaacttc 1320
 cccactatt tctgtgagtg cttagtagga agtgtcaaa aagcttgaca gcattttctt 1380
 ctaagtgtcc caactcttgg ttttccatta cacagacaga gtgcaagacg atgacttgca 1440
 aaatgtcgca gctggaacgc aacatagaga ccatcatcaa caccctccac caatactctg 1500
 tgaagctggg gcaccagac accctgaacc aggggggaatt caaagagctg gtgcgaaaag 1560
 atctgcaaaa ttttctcaag gtagggtctgg actctggcag gtctgaccca gcctcaccgc 1620
 agtttgggtt gacaaggag gatgggagta tgggctacag caatcaaggg gaagatttga 1680
 gctctgggag cccagcccca agacgcagcg agtgtcctgt tatacagggc aggtgctcac 1740
 agtttacacag gcagcaggg tcaagaaatt gctcaattga acacctgcta tttgtcgggc 1800
 cctgttcttg gcagagggat gtagtggtta atgggagccc actattccat gaggagacac 1860
 acagtaaagt tgttgcccaa taaagagcac agataaagcc aaatgccaat aagtgcctgg 1920
 aagaaaatga gatagagtgc gctgtgggca atggggctgg gtggggtgga ggtgaccagt 1980
 tagggtagat gagaagggcc tctttgagga ggtaacatct gagctgagcc ccgaatgttg 2040
 gggagggag cccctgagga tgacacttgg cacaaagctg aggagaccct aagcctcagg 2100
 gcgaacttgg ggtggaagac ttgggggctt ttctaactct aagggtctgc ggtggaaaat 2160
 gaatgcataa agagcacatg gagagcacct gcacagcact cagggaactg ggaggttttt 2220

```

ccccgcctcc aaaaatgatt aggcagttct aagaaaaaagg ctgagcactt ccaacagcct 2280
ttttgttttc ttttcaaatt tggggaaagt cgggaaacag aggcctgcat taagaagggg 2340
ggaacacatg ggtctcagtc tcagttccag tcccggagcc agacatcctg gggtaggtcc 2400
ccagccctcc cagtgcacct cctccgcct tggttaagggt gagaattgca gccttcagag 2460
ttaggggccc tgacagctct ccataggtgg aggcctcagg caggcaggat gctgggtggg 2520
gtaggcaaga aaggggcccag cagagaggcc gcatcggaaa actatcctcc atgtgacccc 2580
ctatgcccgc ttcaccccccc acctgacatc ccccaccaga agcaaagcga tgctgtggga 2640
aaggaagcag agcctcatgg atgggctgca caggagagtg ctgcgattgg ctgggtaccc 2700
cacaggttct gggagggggac ttagcgagggt gactcagtgc ctggcctcc caaagtgctg 2760
ggattacaag catgagccac cctgtccgac catctcccct tttatacttt atcacacct 2820
tgaggtcagc ggagcacata ctctgtcttc tgacctcca tctccctgc ccacacctag 2880
gtttttctag tgtttccccg ttgtattggt tgaaataagt ttcactaatt ggtaacctcc 2940
agaggggaagg gaaggggagg caggggaagg agtgaagtgc agaggggtag cagagtggaa 3000
ctggcctcta agtcagatct gaatttgcac gccctcaata gtcaagcctg tgaaaactaa 3060
tgacctctc taggactggt ttcaagtctt cctccaggaa gataccattc ctagctgtta 3120
aagttgttat aaggaccaa tgaggtgaca tttccaggct tactcatgcc atgaccaggg 3180
caagaccctg gaactcagct tctcttcta taaatagaga atcagcacc aaagtcacagg 3240
gtcatggagg gaataaaact gagagcgttt ggtatgtgct cagtgtctgc tccattgtgc 3300
gcactcagcc tatggtcatt ttttaatttt aaatccagcc ccagggtcga ggcttccctg 3360
tacatttgcc agctggtcatt ttactgtgct ccagtcctcc acctctggcc acaccagct 3420
ctcacagcct tctctcccca ccgcagaag gagaataaga atgaaaagg catagaacac 3480
atcatggagg acctggacac aaatgcagac aagcagctga gcttcgagga gttcatcatg 3540
ctgatggcga ggctaacctg ggcctcccac gagaagatgc acgaggggtg cgagggccct 3600
ggccaccacc ataagccagg cctcggggag ggcacccct aagaccacag tggccaagat 3660
cacagtggcc acggccacgg ccacagtcac ggtggccacg gccacaggcc actaatcagg 3720
aggccaggcc accctgcctc taccacaacca gggcccccgg gctgttatgt caaactgtct 3780
tggctgtggg gctaggggct ggggcaaata agtctcttcc tccaagtcag tgctctgtgt 3840
gcttcttcca cctcttctcc aacctgcct tcccagggt ctggcattta gacagccctg 3900
tccttatctg tgactcagcc ccctcattca gtattaacaa aatgagaagc agcaaacat 3960
gggtctgtgc tgggcccctt ggctcacctc cctgacctg tcctcacctc tgacttcagg 4020
cccactgtt cagatcccag gctccctgcc ccctctcaga cacctgtcc agcctgtcca 4080
gcctgacaaa tggcccttgt cactgtacac tgtagaaagc aaaaaggcat atctctaccc 4140
cttgatatgc ctgctacctc accaaccagc cccaagcctg tcttcacca tctactgtcta 4200
cacagccctc tctctctcct aacagaattc tattcctctg aaagtcttca gaaactggac 4260
ctagatagtg ccatgtctgg ggaggaatat ggcaccaggc agtggaaaca aggacagatc 4320
ggtgtgttat ctacacattg atcagagagc atgatctctc ttaacagacc tgccacccta 4380
atcaacggga gtgctcacac aagtgggagt ctgagagctt agccctatgc ccaccctgg 4439

```

<210> 52

<211> 565

<212> ADN

<213> Homo sapiens

<400> 52

```

aattcgctcg gctttgacag agtgcaagac gatgacttgc aaaatgtcgc agctggaacg 60
caacatagag accatcatca acaccttcca ccaatactct gtgaagctgg ggcaccaga 120
caccctgaac cagggggaat tcaaagagct ggtgcgaaaa gatctgcaaa attttctcaa 180
gaaggagaat aagaatgaaa aggtcataga acacatcatg gaggacctgg acacaaatgc 240
agacaagcag ctgagcttcg aggagtcat catgctgatg gcgaggctaa cctgggcctc 300
ccacgagaag atgcacgagg gtgacgaggg ccctggccac caccataagc caggcctcgg 360
ggagggcacc ccctaagacc acagtggcca agatcacagt ggccacggcc atggccacag 420
tcatgggtggc cacggccaca ggccactaat caggaggcca ggccaccctg cctctacca 480
accagggccc cggggcctgt tatgtcaaac tgtcttggtg gtggggctag gggctggggc 540
caaataaagt ctcttctctc aagct

```

565

<210> 53

<211> 255

<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 53

gayaayggng	aygtntgyca	rgaytgyath	caratggtna	cngayathca	racngcngtn	60
mgnacnaayw	snacnttygt	ncargcnytn	gtngarcayg	tnaargarga	rtgygaymgn	120
ytnggncng	gnatggcnga	yathtgyaar	aaytayathw	sncartayws	ngarathgcn	180
athcaratga	tgatgcayat	gcargaycar	carccnaarg	arathtgygc	nytngtnggn	240
ttytgygayg	argtn					255

<210> 54
<211> 2724
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 54

cgcgctatgt	acgccctctt	cctcctggcc	agcctcctgg	gcgcggctct	agccggcccg	60
gtccttggac	tgaagaatg	caccaggggc	tcggcagtgt	ggtgccagaa	tgtgaagacg	120
gcgtccgact	gcggggcagt	gaagcactgc	ctgcagaccg	tttgaacaa	gccaacagtg	180
aaatcccttc	cctgcgacat	atgcaaagac	gttgtcaccg	cagctggtga	tatgctgaag	240
gacaatgcca	ctgaggagga	gatccttgtt	tacttggaga	agacctgtga	ctggcttccg	300
aaaccgaaca	tgtctgcttc	atgcaaggag	atagtggact	cctacctccc	tgtcatcctg	360
gacatcatta	aaggagaaat	gagccgtcct	ggggagggtg	gctctgctct	caacctctgc	420
gagctctctc	agaagcacct	agcagagctg	aatcaccaga	agcagctgga	gtccaataag	480
atcccagagc	tggacatgac	tgaggtggtg	gcccccttca	tggccaacat	ccctctcctc	540
ctctaccctc	aggacggccc	ccgcagcaag	ccccagccaa	aggataatgg	ggacgtttgc	600
caggactgca	ttcagatggt	gactgacatc	cagactgctg	tacggaccaa	ctccaccttt	660
gtccaggcct	tgggtgaaca	tgtcaaggag	gagtgtgacc	gcctgggccc	tggcatggcc	720
gacatatgca	agaactatat	cagccagtat	tctgaaattg	ctatccagat	gatgatgcac	780
atgcaaccca	aggagatctg	tgcgctggtt	gggttctgtg	atgaggtgaa	agagatgccc	840
atgcagactc	tgggtccccgc	caaagtggcc	tccaagaatg	tcatccctgc	cctggaactg	900
gtggagccca	ttaagaagca	cgaggtccca	gcaaagtctg	atgtttactg	tgaggtgtgt	960
gaattccttg	tgaaggaggt	gaccaagctg	attgacaaca	acaagactga	gaaagaaata	1020
ctcgacgctt	ttgacaaaat	gtgctcgaag	ctgccgaagt	ccctgtcgga	agagtgccag	1080
gaggtggtgg	acacgtacgg	cagctccatc	ctgtccatcc	tgctggagga	ggtcagccct	1140
gagctggtgt	gcagcatgct	gcacctctgc	tctggcaagc	ggctgcctgc	actgaccgtt	1200
cacgtgactc	agccaaagga	cggtggcttc	tgcgaagtgt	gcaagaagct	ggtgggttat	1260
ttggatcgca	acctggagaa	aaacagcacc	aagcaggaga	tcctggctgc	tcttgagaaa	1320
ggctgcagct	tcctgccaga	cccttaccag	aagcagtgtg	atcagtttgt	ggcagagtac	1380
gagcccgtgc	tgatcgagat	cctggtggag	gtgatggatc	cttccttcgt	gtgcttgaaa	1440
attggagcct	gccccctcgg	ccataagccc	ttgttgggaa	ctgagaagtg	tatatggggc	1500
ccaagctact	ggtgccagaa	cacagagaca	gcagcccagt	gcaatgctgt	cgagcattgc	1560
aaacgccatg	tgtggaacta	ggaggaggaa	tattccatct	tggcagaaac	cacagcattg	1620
gtttttttct	acttgtgtgt	ctgggggaat	gaacgcacag	atctgtttga	ctttgttata	1680
aaaatagggc	tccccacct	ccccatttc	tgtgtccttt	attgtagcat	tgctgtctgc	1740
aaggagagccc	ctagcccctg	gcagacatag	ctgcttcagt	gccccctttc	tctctgctag	1800
atggatgttg	atgcactgga	ggtcttttag	cctgcccttg	catggcgctc	gctggaggag	1860
gagagagctc	tgctggcatg	agccacagtt	tcttgactgg	aggccatcaa	ccctcttggt	1920
tgaggccttg	ttctgagccc	tgacatgtgc	ttgggcaactg	gtgggcctgg	gcttctgagg	1980
tggcctcctg	ccctgatcag	ggacctccc	cgctttcctg	ggcctctcag	ttgaaccaa	2040
gcagcaaaa	aaaggcagtt	ttatatgaaa	gattagaagc	ctggaataat	caggcttttt	2100
aaatgatgta	attcccactg	taatagcata	gggatttttg	aagcagctgc	tggtggcttg	2160
ggacatcagt	ggggccaagg	gttctctgtc	ctgtgttcaa	ctgtgatttg	gctttccctg	2220
gtctttcctg	gtgatgcctt	gtttggggtt	ctgtgggttt	gggtgggaag	agggcccatc	2280
tgctgaatg	taacctgcta	gctctccgaa	gccctgcggg	cctggcttgt	gtgagcgtgt	2340
ggacagtggg	ggcgcgcgtg	tgctgtctcg	tgttgccctac	atgtccctgg	ctgttgaggc	2400
gctgcttcag	cctgcacccc	tccctttgtc	tcatagatgc	tccttttgac	cttttcaa	2460
aaatatggat	ggcaagctcc	taggcctctg	cttcctggta	gagggcggca	tgccgaagg	2520

tctgctgggt	gtggattgga	tgctggggtg	tggggggttg	aagctgtctg	tggccactt	2580
gggcacccac	gcttctgtcc	acttctgggt	gccaggagac	agcaagcaaa	gccagcagga	2640
catgaagttg	ctattaaatt	gacttcgtga	tttttgtttt	gcactaaagt	ttctgtgatt	2700
taacaataaa	attctgttag	ccag				2724

<210> 55

<211> 2171

<212> ADN

<213> Homo sapiens

<400> 55

cgcgctatgt	acgccctctt	cctcctggcc	agcctcctgg	gcgcggctct	agccggcccg	60
gtccttggac	tgaaagaatg	caccaggggc	tcggcagtgt	ggtgccagaa	tgtgaagacg	120
gcgtccgact	gcggggcagt	gaagcactgc	ctgcagaccg	tttggacaa	gccaacagtg	180
aaatcccttc	cctgcgacat	atgcaaagac	gttgtcaccg	cagctgggtga	tatgctgaag	240
gacaatgcca	ctgaggagga	gatccttgtt	tacttggaga	agacctgtga	ctggcttccg	300
aaaccgaaca	tgtctgcttc	atgcaaggag	atagtggact	cctacctccc	tgtcatcctg	360
gacatcatta	aaggagaaat	gagccgtcct	ggggagggtgt	gctctgctct	caacctctgc	420
gagtctctcc	agaagcacct	agcagagctg	aatcaccaga	agcagctgga	gtccaataag	480
atcccagctc	tggacatgac	tgagggtggtg	gcccccttca	tggccaacat	ccctctcctc	540
ctctaccctc	aggacggccc	ccgcagcaag	ccccagccaa	aggataatgg	ggacgtttgc	600
caggactgca	ttcagatggt	gactgacatc	cagactgctg	tacggacca	ctccaccttt	660
gtccaggcct	tggtggaaca	tgtcaaggag	gagtgtgacc	gcctgggccc	tggcatggcc	720
gacatatgca	agaactatat	cagccagtat	tctgaaattg	ctatccagat	gatgatgcac	780
atgcaaccca	aggagatctg	tgcgctgggt	gggttctgtg	atgaggtgaa	agagatgccc	840
atgcagactc	tggtccccgc	caaagtggcc	tccaagaatg	tcatccctgc	cctggaactg	900
gtggagccca	ttaagaagca	cgagggtccc	gcaaagtctg	atgtttactg	tgagggtgtg	960
gaattcctgg	tgaaggaggt	gaccaagctg	attgacaaca	acaagactga	gaaagaaata	1020
ctcgacgctt	ttgacaaaat	gtgctcgaag	ctgccgaagt	ccctgtcgga	agagtgccag	1080
gagggtggtg	acacgtacgg	cagctccatc	ctgtccatcc	tgctggagga	ggtcagccct	1140
gagctgggtg	gcagcatgct	gcacctctgc	tctggcacgc	ggctgcctgc	actgaccgtt	1200
cacgtgactc	agccaaagga	cgggtggcttc	tgcgaagtgt	gcaagaagct	ggtgggttat	1260
ttggatcgca	acctggagaa	aaacagcacc	aagcaggaga	tcttggtctg	tcttgagaaa	1320
ggctgcagct	tcttgccaga	cccttaccag	aagcagtgtg	atcagtttgt	ggcagagtac	1380
gagcccgtgc	tgatcgagat	cctgggtggag	gtgatggatc	cttccttcgt	gtgcttgaaa	1440
attggagcct	gccccctcgg	ccataagccc	ttgttgggaa	ctgagaagtg	tatatggggc	1500
ccaagctact	ggtgccagaa	cacagagaca	gcagcccagt	gcaatgctgt	cgagcattgc	1560
aaacgccatg	tgtggaacta	ggaggaggaa	tattccatct	tggcagaaac	cacagcattg	1620
gtttttttct	acttgtgtgt	ctgggggaat	gaacgcacag	atctgtttga	ctttgttata	1680
aaaatagggc	tccccacct	ccccatttc	tgtgtccttt	attgtagcat	tgctgtctgc	1740
aaggggagccc	ctagccccctg	gcagacatag	ctgcttcagt	gccccctttc	tctctgctag	1800
atggatgttg	atgcaactgga	ggtcttttag	cctgcccttg	catggcgctc	gctggaggag	1860
gagagagctc	tgctggcatg	agccacagtt	tcttgactgg	aggccatcaa	ccctcttggt	1920
tgaggccttg	ttctgagccc	tgacatgtgc	ttgggcactg	gtgggcctgg	gcttctgagg	1980
tggcctcctg	ccctgatcag	ggacctccc	cgctttcctg	ggcctctcag	ttgaacccaa	2040
gcagcaaaac	aaaggcagtt	ttatatgaaa	gattagaagc	ctggaataat	caggcttttt	2100
aaatgatgta	attcccactg	taatagcata	gggatttttg	aagcagctgc	tggtggcttg	2160
ggacatcagt	g					2171

<210> 56

<211> 35465

<212> ADN

<213> Homo sapiens

<400> 56

gatcttggct	cactgcaacc	tccgcctcca	aggttcaagc	gatacctcca	cctcagcctc	60
ccaagtagct	gggattacaa	gcgtgtgcta	tcacacctgg	ctaattttta	tatttttgggt	120

agagatgggg	tttccacttg	ttgggttaggc	tgggtcttgaa	ctcctgacct	caggtgatct	180
gcctgcctca	gcctcccaaa	gtgctgggat	tacaggtgtg	agccaccgcg	cccagcctga	240
ccctttcttt	ctctactggc	aaaactcctg	ctccttttta	aagccaagct	catgtcacct	300
cctctgtgaa	gtcctcgctg	actccccaag	cggtcagtg	ctctctcgta	tgggctcccc	360
ggcccttgca	ctgctctcca	tcacacctg	accactctgg	gcagtggccc	ccctccccac	420
ccactgacta	tgggtcctt	gaaggcagg	cctgggtctg	ccccatctct	gtgtccccag	480
caatgctggg	catgagtcag	cctcagaaga	catctgctga	atggctgcaa	accagaggaa	540
atatctccag	cctcaggctg	ggacccctcc	cctctctct	cccacctctg	acttcatacc	600
actcacctc	cagagtcttc	aatgcccact	attacttcac	acagttggcc	tgtgacaggc	660
aatcagggtca	tcgtccacgg	ctaccagggtg	tttcatgtct	actgtgactt	ccaggaccac	720
aagccctttt	gcgcccacca	tgtcttcacc	taagagatct	tcaaagccca	gtatgtctct	780
ggcaccag	ggatcctcca	tgcccactgc	ggatcccaag	cctcctgcct	ccttgaagtc	840
caccaaataca	gcaacaccca	acagatcctt	agtgcccacc	aaaccagcga	catcccgtaa	900
ctcagtcatg	agcccaagca	gttccaagtc	caccaaatacg	accagtacaa	aaagagcccc	960
ttctaaccgg	cccagcagca	ggtcccaggt	ccgcagcaaa	gcaagaacac	ccagcagggt	1020
gagcaccgac	accaggacca	gcaaagccag	caaggccagc	gacgtgagat	gccaccagcg	1080
gaggggcaca	caagccggg	gtaggacacc	tggcagaagg	ggaagccgca	gctccaagag	1140
gtcaccagc	agggccagca	ctcctggcag	gataagaact	catggtgcca	gaccaggcat	1200
ggccagcagg	gtgagaactc	ccacttcaca	gcaaaaagg	agccggggaa	agagttacgg	1260
ccggcctaga	accagcaaca	gggaaaggag	tgacagccag	cctagaaatc	tgagcaagaa	1320
gagttaccgc	ccaccaggag	gctcagggtat	agggaggagt	tccgagctgg	ctgtaactcc	1380
cagtacagcc	aagtgtcaaa	ccccgactgg	aattccctcc	aaggagaaga	gtgacaaccc	1440
atctccatcc	tcatacagga	aggtgaagag	ctacggtcag	atgatcatcc	ccagtaggga	1500
aaagagttac	agccccactg	aatgtccag	cagggtcaag	agttataacc	aggccagcac	1560
ccgcagcagg	ccgcaaagtc	acagccaatc	tagaagcccc	agaaggtcaa	gaagtggcag	1620
tcagaagag	acgcagaca	gagtgagaag	tcacagttgg	aagagaaacc	atagcagggg	1680
aagaagtcgc	accggaagg	gaattctgag	ccagatggga	agacacagcc	agtctagaag	1740
ccacagcaag	gggaaaagtc	aaaaccaatc	tagaaccccc	agaagaggaa	gaagtcacaa	1800
ctggtctaga	aacccagca	aggaaagaag	tcatagccat	tccagaagct	ccagcaaaga	1860
gagagatcac	aggggatcta	gcagccccag	gaaggagagt	ggtcgcagtc	aatcaggaag	1920
ccccacaag	cagagagatc	acagccgatc	tagaagtccc	aacaaggcga	gagatcgag	1980
ccgatctaga	agtccttaca	aggcgagaga	tcgcagccga	tctagaagtc	ccaacaaggc	2040
gagagattgc	agccgatcta	gaagtcccta	caaggcgaga	gatcgcagcc	gatctagaag	2100
tcccaacaag	gcaagagatc	atagccgatc	tagaagtcct	aacaaggcga	gagatcgag	2160
ccgatctaga	agccccagca	aggaaagaga	tcacagccaa	cttgggaagcc	ccagcaaaga	2220
gagagatcac	agacgatcta	gaagccccag	caaggagaga	cagtgcagac	aatctagaag	2280
ctccagcaaa	gagagagatc	acagacgatc	tagaagcccc	agcaaggaga	gacagcgag	2340
acaatctaga	agcccccaaca	aggagagaga	tcgcagccaa	tctagaagcc	ccagcgagga	2400
gagagagcac	agacaatcca	gaagccccag	caaagagaga	gatcgcagac	gatggagaag	2460
ccccagcaag	gagagagagc	gcagacaatc	tagaagctcc	agcgaggaga	gagatcacag	2520
ccgatctaga	agcccccaata	agcagagtgg	ttacagtcca	cctagagcct	ccagcaaggga	2580
gaaagctcat	agccgatcta	gaacccccag	caaagaagga	aatcatagcc	aatctagaac	2640
ctctagcaag	gagagcgacc	ccagtcaatc	tacagtcccc	agaagtcctg	actggaagag	2700
atccctact	aggacaagca	gtctcagtc	gaatagaacc	cctagcaaga	caagcagcca	2760
ctcccatca	acatttccca	gtgggggcca	aaccttaagc	caggatgaca	gtcaagccga	2820
cgccaccacc	tctaaggcca	ccttacctgg	ggaaaggctc	tcatactctt	cttccaagct	2880
ggcgtagccc	ccagtctcag	ctggctcacg	ggtctctgtc	atgaccgggg	gaggggacag	2940
gagacaggag	cagagcagca	gctgagcagc	gtccctcccc	ggccagctct	ccacagccac	3000
acctccggcc	acaagttctc	taatacagga	tgttggcagg	tagagaggga	tgctggatag	3060
ggggaaagga	aagacctgtg	atgattcaat	aaatttttac	atagcaccca	tccccaccaa	3120
gcccactgt	gtgctcactg	ctggcatggg	gcacagagga	ccccagctct	gtccctgact	3180
gtctacagg	tcttgactgc	aagccctgcc	cctctctagg	tctttttttt	ttttgagaca	3240
gagtcctct	gttttgccca	ggctggagtg	cagtgggtgtg	atctcagctc	actgcaacct	3300
ccacctccca	ggctcaagca	attctcctac	ctcagcttcc	cgagtagctg	gaactacaag	3360
tgtgcgtcct	cacgcccggc	taattttgta	tttttagtag	agatggggct	tcaccatgtt	3420
ggccaggctg	ggctcgaact	cctgacctca	ggtgatccac	atgcctcaac	ctcgcaaagt	3480
gctgggatta	taggcattgag	ccaccgcacc	cgccccctc	tctaggtctt	aatttccgca	3540
tgtgggcaac	aaggctgcct	tctgggtctt	attcagtggtg	gtagggagag	gtgacactcc	3600
aaatattcaa	cagtggggac	tgggtgtggc	accaatcaga	actgagagtg	gagcgggacg	3660

gataccaggc	cttaaccctt	tagttgctgg	accatgggga	ggtctggggg	tggggaagtg	3720
ttatggggaa	aaaaaacctt	caaactgtgt	ttttcctcta	ctctcacact	atcacaacaa	3780
tcatacaacac	agaattctgt	gaccaaagt	gtggggcttt	ttccccacac	actacacagc	3840
agacaacagc	taggtgtccc	ctccgattcc	attccaacgc	tgtccccaca	cccagcta	3900
ttttgtattt	ttggaagaga	cagggtttca	ccatgttgcc	cagagctcaa	gcaatctgcc	3960
cacttcagcc	ctccaaagt	ctgggattac	aggcgtgagc	caccacaccc	gactttttta	4020
aaaaaataaa	aataaggccg	ggcgagtgga	cccatgcctg	taatcccagc	actttgggag	4080
gccgaggtgg	gcagatcacc	tgagctcagg	agtgtgacac	cagcctaggc	aacatggcaa	4140
acttgtctct	aaaaaaaaaa	aaaaaattac	aaaagttagc	cgggtgtggtg	gcatgtgctt	4200
atagtcccag	ctacctgaga	ggctgaggca	ggaggataaa	ttgagcctgg	aagggtcaagg	4260
ctgcagtgg	ccgtgacctt	gccactgcac	tcaagcctgg	atgacccatc	ttacaaaaaa	4320
aaaattttttg	ctggagctgc	tcacagaact	caaggaaatg	cttacttaga	tttactgggt	4380
tattatagag	gatattgcaa	agaacaaaga	tgaagagatg	tgtaggggcaa	ggtataaggg	4440
aaggggcagg	gagcttcacg	ccctccctgg	ggtgctaccc	tacaggaacc	ctcaggtggt	4500
tagctatgcg	gaagctctcc	aaacccagtc	ctcttgggtt	tttacggagg	ctttaagaca	4560
gcagctattg	gcatggactt	ctctgaaaag	tgtcttaaga	ccaacaatca	agaagggtggg	4620
gaagattaga	gtcttgccct	ggggcaggaa	atggaggggca	ggaggagggtc	agagagattc	4680
tgttttcttca	gacctgcccc	aggcctaagg	tacacaacat	tataacaaga	gactgttaaca	4740
aaggctgtag	gagttaccag	ccaggaactg	tggatgaaaa	ccaatatatt	tatatatata	4800
ataccacaag	gggggtccaa	agtggcagtt	agggacaggg	agtacttggtg	tagcagtgac	4860
acaccaaccc	atctggaagt	attttaatat	ttaaacaatt	ggtatggcta	tactagtttg	4920
tgattatcag	ccttagttct	gtatcaattg	gcaagatagt	gtctagggtt	gccacactct	4980
agctgtgtag	caccaagcaa	agaacttaac	ttctctagcc	tgtttccttc	tctggaagaa	5040
aggggcttcc	aggccttaac	tcacgtactc	cccataacta	gactgggaat	tatctccttt	5100
gtacagatga	ggaacacagc	acagaggtga	taagtggatg	gcccagggtc	accatctggt	5160
aagtggatga	actaggattg	gaagccagac	ctttcataaa	atgattttctc	agctcaaaag	5220
gtttttctga	agattcagta	ggctcactga	tagaaattgc	tggtgtgtgg	ctgggtattcc	5280
atcaagagtg	gccattacta	ctcccacccc	tgcccctcta	taaactccag	atgttccaga	5340
cctctcatct	ctccctgtgc	acacaaggcc	ttttcacatc	tgtgggtctt	agtacaccca	5400
ctggtgctgt	caagaatgtc	ctcctcctcc	tttttttttt	tttttttgag	atggagtctc	5460
actttgttgc	ccaggetgga	gtacagtagc	gcatctcag	ctcactgcaa	cctctaccct	5520
gcacagcct	ccctagtagc	tggtattaca	ggcagccacc	accaccatgc	ccggctaatt	5580
ttttgggtatt	tttagtagag	acaggggttc	attatgtcag	ccaggctggt	ctcaaacctc	5640
tgacctcagg	tgatccattt	accttggcct	ccagagtgcc	tggtattaca	ggcaagagcc	5700
accacgcca	gccctccttc	cccccttttg	gcctggagaa	ctccttttca	cccttcaaa	5760
cccaccacaa	acataagaac	ctctatactt	cttgcccgtc	gaaatactgc	ctctgccagg	5820
aagccttctg	tgacttctct	ctctccctct	tcaccaacgg	accgcccccg	ccccccacca	5880
acccaccac	acacacacac	cactactgtc	ttccactgta	ctccctgaca	gtagagaacc	5940
aagcagggcc	agttgatgca	gcctcagcta	tatctcttac	atgccaaggc	ccatgcactg	6000
gggatacaat	ggtggaaaat	acatgggtccc	ttcaaagtct	ggatgtcaag	tttaatgctg	6060
gggactaaag	agaaaagctt	cagattgaaa	cctggagggtg	gctggggcaa	aggaccattg	6120
gcacatttg	cagggcaact	tcctaaagaa	agcacctaaa	tcttggtctt	taaagacaga	6180
tttcataatt	ggcagaggag	aattctaatt	ataccctatt	gcctacaggg	ccccatctaa	6240
tttggaatt	ctactttata	ccaagataag	attgccagat	ttagcaaata	aaaacagaag	6300
acatccaatt	aatttttttg	tttggttttg	ggtttttgtt	gcggagatgg	tgtctcacta	6360
tggtgcgaag	gctgctgtca	aattcctggc	tcaaacaatc	ctcctgcctt	ggcctccac	6420
ttcccaaagt	gctgggatta	caggcatgag	ctaccacacc	tgcccttat	ttatttattt	6480
atttaatttt	cttttttggg	acggagtgtc	actctgtcgc	ccaggttgga	gcgcagtagc	6540
gcgatctcgg	ctcactgcaa	cctctgcctc	ctgggttcaa	gcgattatcc	tgccccagcc	6600
tcccaagtag	ctgggactac	aggcgcgtgc	caccatgccc	ggcttttttt	tttttttttt	6660
tttttttttt	gagacggagt	cttgctctgt	cgcacaggct	ggagtgcagt	ggcacgatct	6720
cggctcactg	caagctccgc	ctcctgggtt	cacgccattc	tcctgcctca	gccttccgag	6780
tagctgggac	tacaggccgc	tgccaccacg	cccgactatt	ttttgtattt	ttagtagaga	6840
tggggtttca	ccgtgttagc	caggatgatc	tcgatctcct	gacctcgtga	tccaccgcgc	6900
tcggcctccc	aaagtgtctg	gattacaggc	gtgagccacc	gcgcccagcc	tacttatttt	6960
tattttttta	gagacagggt	ctcgtcag	tgcccaggct	ggagtgcagt	agggtgatct	7020
gtaggaaagg	ggcttccagg	ccttaactca	tgtactcccc	cataaccagg	ttgggaggtt	7080
agctcactgt	aacctcaaac	tcctgtgtct	aagggtaccct	actagccccct	aggagagcag	7140
ctgggactac	aggtatgcgc	caccatgcca	ggcttaattt	ttactttttt	tttttttttt	7200

ttttttt	gagacggggg	tctcactata	ttgcccaggc	tggtcttgaa	ctcctgggtct	7260
caagcgatcc	tcttgcctta	gcctcccaaa	gtattggtat	cactgcaact	agcccaaaga	7320
attaatatag	ctatgttcca	tgtgatattt	gggacatact	tttctaaaag	gttgtatctt	7380
ttggatataa	ttgtttatct	gaaattcaaa	tttaactaga	cattgtatat	tttatacggc	7440
aaccacacac	ctgggacaat	caagacattc	cctgaagtta	ccaggagaca	atgccccatca	7500
gcctacactt	ttccaagccc	acgtcacaca	aggcccttc	cagagtattc	cagacgtcag	7560
gtagggccat	cccttgggtc	acaagtccca	ctcctaccac	gcctatggca	gccaaactga	7620
aaggcaaaaca	cagtgtctga	gaccccaaaa	tgccttgggc	ctatagcagt	caattcccaa	7680
gatgccccgc	gtgaacacaa	taggcacccg	ttccaatgct	cgagcaaaaga	gaccagggca	7740
aaaccttcca	ctacgggaca	ataacggcca	gttccccaaa	ttcgttgtgg	cagttcttcc	7800
caggatgcct	taggcctata	gcgaccacct	ttccagactc	cccgtgtgga	agcgtctcaa	7860
gcctccagga	cggtcagcgg	caggtgtggg	ataaaaggaa	ccgtctcga	caaggatctg	7920
ggacactctt	tcccaggatg	caccaggcct	acgactagcg	gaccgactcc	cacagcgctt	7980
caaggcggag	cgctcgggtc	tcccaggatg	ccccagggcg	gcacaaacgc	gtagggggag	8040
aaaaagaagc	cctcgggtca	ccacggcccc	agaccgcggg	ctccccgggtg	acgggagtcg	8100
tcgctcccat	catgcagcgg	ggcgttagcg	cccgttccc	ggcatgcctc	gcgcacccct	8160
gcccgggaca	ctcacggcg	ccggcgggcc	ccgctccggc	tctgcggcgg	cggctgcacg	8220
cccagcctct	gcgcctgcgt	cgcaagttag	gtaggacagc	gcgcaggggg	cgtgaagagc	8280
ctagggcgct	tgcgcgcgga	gacggactag	tctgttagcg	ctgtgggaag	aggggctatg	8340
cgcgctcgggc	cgctcgacgag	acccgcgcgg	ggggcgccgt	gctttgcccc	tcgctgcctg	8400
ggtttacttg	gtacagcccc	cggcccaaa	gaacaagaag	ctgaagggtt	cgcgcgctgcg	8460
tgtgcggggc	aggaacgcgc	cttacaacaa	tgggatgcgc	tgggggtgga	gggcgctagt	8520
tcggactgga	tccctggggc	gaggcctgct	tatttgcata	atcctagcgc	gggacaatga	8580
aaggcctccc	gcactggaag	gagtgatttg	catattcccc	ggaggggcct	tactccagag	8640
cgcagtgatt	agcatatggc	gggggcaacc	tgagcaaaag	gcattgcgcgc	agggactgca	8700
gactgacgcg	aagtgggtag	ccttgtcttc	gtagggggtc	agtttgcctc	ctgagagagg	8760
gcacgagggc	caggaccctc	cccaaccagg	ataaagggtt	attgatctcc	taggtgtcag	8820
gccccatgct	ggcggattct	gtgggtttct	cagtgaacca	tactcctgta	ctcacggcac	8880
cccagtcgaa	ggagatacgc	acctaattag	acaactacta	cccagaaggt	cagacctgga	8940
gtgaggaaca	cagggggctg	tgggagccta	agaggcgctt	gccccggcct	ctggttctag	9000
aaagacttcc	aggaggtggt	gaccccttaag	ccaagtacga	ataggagcca	actagaatgg	9060
gaatgggtct	ggcagaatga	actgcaagcg	ccaaggccca	gaggccaaaa	aaaaaaaaaa	9120
aaaaatagaa	gcgcattgtt	tgattgagga	agcaagagca	gcttagtatg	cctagaacct	9180
aactggagac	gggaaatggt	tctatagacg	atgttagagt	tcaactatgg	ctacattcca	9240
gtcttcctgt	aagtgacttt	gtcacattct	ggcttaaaac	tcccccaaa	ggatccatt	9300
aggaaaaaaa	aaaaatccaa	aaatctttat	catggcctca	gggctataca	cctgggtctg	9360
ccgtgcttat	ctttctgacc	ccacctactt	cctcctccct	ccatttctgt	ccagctccac	9420
cttaccctca	actctttacc	agctcgggcc	tctgtctctg	ccgttccctc	cgctgaaaa	9480
tgcttttccc	tctgaccttt	gaatacctac	tcttgtgctc	accattcata	tcttggtaca	9540
gatgtcaatc	tgagaggcct	ttcctgatct	ctccataata	gcacttacac	atttgactgg	9600
agttatggat	aaatcgggat	tggccatgag	ttggtggtgg	ttgtaactgg	catgaagagt	9660
acatggggct	gggcgcgggtg	gctcacgccc	gtaatcccag	cactttggga	ggccgaggct	9720
ggtgtatcac	ctgaggtcag	gagcttgaga	ccagcctggg	caacatggtg	aaacctgccc	9780
tctattaaaa	ctacaaaaat	tagccagggg	ttatgggggg	tgcctgtaat	ccttgcctact	9840
tgggaggctg	aggcacgaag	atcacttgaa	ccctggaggc	agaggttgca	ttgagtcgag	9900
attgagccac	tgactccag	cctggggccac	ccagcgagac	tctgggtctc	gcctgtaatc	9960
ccagcacttt	gggaggccga	ggcggggcga	tcacgtcaga	agatcgagac	catcctggcc	10020
atcctagacc	atttctacta	aaaatacaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaattag	ccgggcgtgg	10080
tggcaggcgc	ctgtagtccc	agctactcgg	gaggctgagg	caggagaatg	gcgtgaacac	10140
gggaggcgga	gcttgacagt	atccgagatg	gcgctactgc	actccagcct	gggcgacaga	10200
gcgagacttg	gtctcaaaaa	aaagagtaca	tgggacgtta	ttgtcctgtc	tactcctgtg	10260
ggtttgaagt	tttccataat	taccatggca	taccacatca	ccatactctg	catttatatt	10320
aatagtctct	atcacatct	gaactttctt	tgttctcttg	ttttgagtgt	tttctctatg	10380
aaagcttcat	gagggtgaaga	atggagtgcg	cctttttcac	tttgggttct	caatgcttag	10440
agcaggatca	gatttcagat	tagtgtagcg	ctgtctttta	cacttaacat	ttgcctgttt	10500
tattcaccat	ggactctaga	actttgagca	gcacctggca	catcgtaaga	ggttatTTTT	10560
taaagttaga	ataatacatc	taaaatgtac	atgaatgaat	gagaggcctg	ggatgccaga	10620
ctaaagagct	ttgacttggg	ctaaagggtga	tggggagcta	ggcaaagggt	ttgagagttt	10680
aactttaatt	caaagtcccc	ttggagacta	atgtctgggg	tagggggaag	ccagggtgaag	10740

ggtccggggc	atggaatggg	gtagctcagt	cgctatcaaa	aagacaagac	tgtgactatt	10800
tggctgaaga	aatggccaaa	cccaggtttc	tggggaggtc	gaggtaccct	cagtgaagtc	10860
aggaccttct	cctggccctat	actgtccacc	agcaaccatc	acactcctcc	ctcccccttc	10920
ccttagttcc	cctcccaatg	gtacagccct	tgacagcagg	acagacacac	agccacccca	10980
aacacttggt	ctctcctcag	tttaatgggtg	gttagtgaga	ttgccaaacc	ccctccccat	11040
tcccccccc	accccgtaaca	aaatgtgtgt	gtgggtttttt	gtttttttgtt	ttttgttttt	11100
taacaagaaa	aagggggcaa	aagccaggaa	tggggagagg	ggggtgcaat	ctgatatttt	11160
catacagact	tttgattttt	taatatatta	tatatataaac	catgaagacc	acgaatcctc	11220
cccaaactcc	tttccccctc	cccggggggc	ctggaggaga	gatgggggag	gccccccag	11280
gagtgggtgg	acagagagac	aaatatggat	gggacagacg	ttggggggaga	aggtagagag	11340
aaggggagcc	cagggaacctg	gggaaggggg	attggagaaa	agggttgggg	ctgtctccct	11400
cactgcccc	atcaaagtta	tgacacaaag	acacagaatc	cctatttcca	cgccctcccc	11460
ccaccatcc	ccccaccgtg	caaacatggc	tttgcaaaag	agtgccccaga	gctctgtgga	11520
actcttacia	tggctgggtg	gggggtctagg	acccccaaag	aaatctgtgt	tccccctccc	11580
tgcccccccc	acccttccca	gaaactgacc	ccctccccac	aagacctggt	tttgtagcct	11640
aggggcccctg	gccttcccc	agttatcttc	ccccaaccca	atccctactg	ccctcactgg	11700
acttgggggg	tctggacctt	tggccccctg	ccccgggggg	accagacct	ctgggcccctc	11760
acttctggcc	cttacagaga	tccaggcatc	caacaccccc	atccctgccc	aagcgtctga	11820
ggtgtagtg	gtgggggggag	aagcccacca	tcccagactc	tggtaaatgt	ctttgctggt	11880
tccttgacgc	tggcagtggg	ggggacccca	gcccaggccc	aggcctaggc	ctgggggtggg	11940
gataggttca	gatgaagaat	tcctctttcc	tcttgtgtcc	gtcgctgcca	ttgaggaagg	12000
cttctcttgc	ttctccctgt	tcataccaagc	cactggcttc	gtgggtcaga	taggaacctg	12060
aggggggtgac	agacccccgg	ggcagggggg	acatatgtgt	ggatccagga	gttggaacag	12120
agtataagg	aagagggaga	cagacaagac	acatgccagg	cgaaggaaga	gggagaaacg	12180
gaacacacag	ggagaggcag	agaaagaggt	aaacagtggc	agagaaagag	gtaaaagcag	12240
aattaggaag	actccaaaag	ctcaccgaaa	gtgccaccct	tatcctttct	cttgagggtta	12300
tttccttgcc	ctgctcccag	cgaattcagc	aattaggaaa	ataaattggt	ttattcaaatt	12360
ccatgctctt	tttttcccc	aattttttgt	atttttagta	gaaaaggggc	tgcgccatgg	12420
tgcccaggct	ggtctcgacc	tcctagcttc	tcaagtgtt	tatccgcctt	ggcctcccaa	12480
cgtgctggga	ttacaggcgt	gagccaccgc	gcccacccgc	aaatctatgc	ttttaattca	12540
gcttctaatt	tctaccctt	ttcgagtatt	gtgccgaaag	ccccgcccc	tttgtcatct	12600
ccgccccgg	tgcggcggga	tttggaatcc	agagcctagg	ctccgcccctc	tcgttaccct	12660
ggctctaggc	ccgcctctt	tcogagccct	acaaccaacc	aaccgtagag	tccaggcccc	12720
gtcccactca	cccttctgcc	gtaccgagca	ccagaccatg	cccactagca	cacatatgat	12780
cagaaacacc	agcagcgcca	ggatgcccgc	cacaatggca	tagggaaccg	acgtctgagc	12840
ctctaccacc	gcaccagggt	ctgccagagg	gacacggcac	aggaccagg	catcagagga	12900
cgatcccagt	ctggccccat	cgtgccaag	cttttaagcc	attctgcaca	cgtctaaccg	12960
tgccctttta	tgtgccacac	ccctcaaaaa	ttactgccac	cttgtagtct	cttctcttct	13020
catagctttg	ttggtttgta	cactgcccga	ccccctccct	gagtcatgtt	acattttcct	13080
tttcttttct	ttgttttctt	ttgcagagac	gggggtctca	ctatgtggcc	caggctgac	13140
ttaaactcct	gggtcgaagc	gatcctccgg	cctaggcctc	ccaaagtact	gggattagag	13200
gcgtgagcga	ccgcacccag	ccatcccttt	tcttttgact	caagtctctt	cctccactaa	13260
gaaacagagt	ccaagaaaca	ggtccaagtc	ccttcccacc	ttgtctaaaa	cgctccaagt	13320
atttaaagtg	ctgggcccac	ctaccaaatt	ttctgcccac	ccgtcataga	gctaaacaca	13380
gaacagctgt	gtgctagagc	ccattccaac	caccttacat	atttagttca	cataatcttc	13440
acaacagcct	tgttatatag	gtgctattgt	ttatttccac	tttactgatg	ggtaaactga	13500
ggcgagaca	ggttcgggta	cctgcaatag	aatgcagcca	acccgaattt	gagccccgcg	13560
ggccagtctg	gtcccaaaac	aaaaagaact	ctggtggctg	ccgaacccct	gagttatgtg	13620
gcctctttgc	tcaagccccg	ccccgcgcc	ctggcgcccc	gccccgcgcc	tcagtcggcc	13680
gcagcctgct	ctcacgtag	accacaagta	cgtagagcgc	cctcgcatgg	ccgtgcttat	13740
tggacgctc	gcaagtgtag	gtgcggttat	ccgcggatac	cagaccgggc	agcgtgagcg	13800
tctctccac	ggcctccgcc	ctctccggca	aagactcatt	ccgcgggttc	cagcggatct	13860
ggtttggcct	gggtggggat	aaagtatagt	gagagttagg	aaccgagggtg	ccagcaccca	13920
attctgactt	gtcaagaatc	tagacatgca	actctcatcc	cgcaggggacc	tccaaataag	13980
aggcttccctg	ctatctcttt	cctttctgga	aaaccaacag	tcctgggccc	acttccaccc	14040
atcaccaagg	tctcaggaat	tctagcccag	gtgtaacatg	gtggcttatg	cctgcaatcc	14100
cagcaactta	ggaggctgag	acgggaggac	tgccttaaggc	cagcagttcc	agaccagcct	14160
gggcaacaca	gggagacccc	gtcactacaa	ttaaaaata	ataataataa	taataataat	14220
tctagccctc	ccacgccatt	ccatcctcag	caaccaggag	tctgaggctg	cacagcttca	14280

gtattgggga	gtctgagcct	ccagattcct	cctccctcag	gatccaggag	tccagggtccc	14340
agatccctat	tcgctccagg	ccccagctct	ctcctcctca	ggacccagga	atccagggtcc	14400
tagctccctg	tttgtccagg	tcctcagctc	tctcctcctt	aggacccagg	agtccaagtc	14460
cctgggtccct	gttcttccag	gtccccagct	ttctcctcct	gaggacgcag	gaggccccca	14520
gagctcacct	ggggttcccc	gtgacagcac	acgtcaacac	cagcgtgtct	ccctccctca	14580
ccacagcttg	ggaggcatga	atccggggcg	tgggggagtc	tgtaggcaa	aagtaagagg	14640
agagagtagt	ttccaagcca	tcacgcagga	caagggggac	cctcgcgggt	gcgggtggct	14700
ggcgttggga	tcccttgggt	cctggcccg	cggtcactta	cactgcacat	ccagcacgta	14760
ctgcgtctgc	ttgctgtgtc	cggaggcgag	cgcttggttc	tgcgcctcac	agatgatgat	14820
accaccgtcg	tccttacggg	ccacacgaaa	ccgtactgtg	cttgccacgc	tccagacctt	14880
gccattttcc	tggctgctgc	tcactcctgc	cacaccccg	tcagacactg	tcaggccaca	14940
attccggctc	catccacca	cccaccgag	ccaacgccaa	agcaggctat	ttgccaaagt	15000
ccacccctta	cccacaggcc	ccgcctcttg	tcctccaagc	tacgcccctc	ccctaacca	15060
gcccacgtgc	ctcctcccaa	agctcttccc	tctttcacgc	tcagtctttc	tcgtctatca	15120
atccatttaa	ttgctatata	tataaaaaa	taaatttata	tatatactta	gagacagggt	15180
ctcacaatgt	tgggcagggt	gaactcctga	cctcaagcaa	tcctcccatc	tcagcctccc	15240
aaagtgtctg	gactacaggc	gtgagccacc	gcgctcgaca	tcaaccacta	catattgaat	15300
gtccagtgtc	tgtgaaaacc	tgtggctcct	ctccacatat	aaacaacctc	tcctaagtc	15360
cacctcctcc	ccatcccttg	tcagcactcg	gcccagggtg	cctttcagct	ccttgcggtc	15420
ccggtaccag	cgcagggtgg	cagccggacg	ggaccgcgga	acgaggcagc	tgagctccac	15480
ctcgcgcgcc	tctaccgcct	gctcccggac	ctccaccaca	ggattctctg	gggccactgc	15540
cgcaggggaga	agggaagtaa	ggggttaaag	aaggcacgaa	cgtgggctca	aagcgatcga	15600
gctgctgtgt	cccagcgacc	atagggaacc	agggtcccag	gtggcagggg	tcaaagggga	15660
gaggtcagga	gccagatgcc	catccaggat	gttaaaaaata	gccatgggtc	gaaagtctca	15720
ggagaagaga	gaagcagaga	agaaaaggagg	agaggatgcg	tctgacaagg	gggagggcgt	15780
tacctagtac	cgtgagcgtg	gcaatctggg	gggtgggtgtc	ttctgtgtag	agctggcaga	15840
aatagcccc	ctcgtcctcc	aggcgggcat	ctgagagccg	gatccgcacc	cggcgtgggg	15900
agaactcctc	aagctggaaa	cgctcatcct	tcaaggctag	agagagttag	ggggaagggtg	15960
tgaatttcgg	gagtcctggc	ctcacaagtc	ccacccttcc	gacaggagct	tagagtccag	16020
ccctctgcct	cttttctcca	gccatatcta	tgagtctgag	gtgtccaaat	atttactccc	16080
ttgaggaccc	agcattatct	aagtcctcct	gcctgcagga	ccagcagtc	gggaccccag	16140
ccctttcttc	tccgagaccc	aggagaccaa	actctcaggt	gtgtcctctt	tcaggacatg	16200
ggagcctggg	ccccagccct	ctcttctctt	aagactcctg	agtctgggtc	ccagcactca	16260
ccacgggtgc	cattgaagaa	gagggtctgc	cgggctgggt	tctggatgac	aactatggac	16320
ccatcatact	ggtgcagacg	gcagggtgatc	tcagccaccc	cacctcagc	cactgtcacg	16380
ttctctgtct	gtacttcctg	tcctgcccc	ggacgattag	acaaagagac	aggatagaag	16440
acttactgag	agctgcaatt	caattttttc	ttctctccct	ttcccatcc	aaacctccaa	16500
tcctctctct	tccctcatt	cattccattg	cactgaacat	ttcctgcagg	ctagagtcca	16560
ggacagggag	gaaatctgct	ccctactcta	aaagagctgc	agtcaagatt	tagtagaata	16620
tgctctaatt	agggcagcac	agggcacact	aggagcccag	agcaaggag	gactattata	16680
gaattgccta	gagagatggg	tagccagaga	gggctctgca	agaaagctcc	attggatctg	16740
gatcttaaat	agtaagcagg	aggctgagcg	cagggtgctca	tgctgtaat	cccagcactt	16800
tgagaggccg	agggtggcgg	atcgcaaggt	caagagatag	agaccatcct	ggccaacatg	16860
gtgaaacctc	gtcactacta	aaaatacaaa	aaaaaaaaaa	aaattagctg	gggtgtgggtg	16920
tgcgcacctg	tagtcccagc	tactcgggag	gctgaggcag	gggaatcgct	tgaacccggg	16980
agttggaagt	tgcagtgagc	cgagatggag	ccactgcact	ccaggctggg	cgacagagcg	17040
agactctgtc	tcaaaaaaaaa	aaagaaagaa	aaaaaagagt	aagcaggagt	tcacaagggtg	17100
tgggagactg	ctgtgtgttc	accaagcctc	atctttcaca	cctgggcaca	tgtttagacc	17160
cgtttgcaaa	gatagccgta	atatctctct	gtccctggac	atgcccttg	caagttgatt	17220
ttgccatttc	tcccattgag	aaggcacttt	gtccctact	agtctgggtg	agccttgaga	17280
gttgccttga	ccaatagaat	ttgctagaag	tgatattgag	cctaggcctg	aagaggcctt	17340
gtagcttcca	ctcctgccct	aagactgttg	catgaagata	cccagactag	tgtctttgca	17400
gatgaacaat	catggtgaaa	gagaagccca	gccggcagcc	agcaccaatc	gccagctgtg	17460
tgagtgtggc	catcctggat	catccagccc	cagctgcccc	accagctgac	agcagccaca	17520
caagtgacct	cagttgagac	caataaaaaga	tctgcccac	tgatacagcc	caaactgctg	17580
aacccagaa	tcatgaacaa	ataaggtggg	ggttgtttta	agctcctaag	ttgtgggtga	17640
tctgttctac	tgctaaagt	aactgatata	atacataatt	aggctatact	tcccagcatc	17700
ctttatagtt	aggtggggcc	atgtgaccaa	ttctggccaa	tgggatgtag	gtggaagaga	17760
aacacctctt	gcagcctgac	ccatctccct	cataatcctt	cacactggct	gaacagagag	17820

gactccaagg	agcctagagg	agggcagaat	cacaagccag	aaggaacctg	ggtctctaac	17880
tgactgtccc	ccatgaccgc	cctgtatagg	actgtgatat	gagcaagaaa	tatacctttt	17940
tgtaaagcca	ttgagatttc	aggggtgtct	gttacagcct	ttaacctacc	ctgattaatc	18000
catcagaaaa	acaaggtggg	gaatctagaa	ccatcagaga	aaagcattta	ggaaagctga	18060
aagccaagac	taatcatcag	cattaatatc	atcatctgtt	gtcttcaaaa	taacaataac	18120
ccccatagct	accaattatt	aggtacttgc	agtgttagtc	cctgtgctaa	gggcattacc	18180
catataactt	acctttaatc	ctcacaatcc	ctgtgtaagg	tagacatgat	tattatcatt	18240
attattatta	ttttgggaca	gagtattgct	ctgttgccca	ggctggagtg	cagtgggtgtg	18300
atctcagctc	attgaaacct	ccacctccca	agttcaagcg	attcttcagc	ctcagcctcc	18360
caagtagctg	gaattacagg	catgcaccac	catgccgggc	taatttttat	tttttagtga	18420
gacagagttt	agccatattg	gcctgggctg	tctcgaatc	ctggcctcaa	gtgatccgcc	18480
tgcctcagcc	tcccaaagtc	cagggattac	aggtgcgacc	caccgcgcct	ggccaattat	18540
tattattatt	tttaatttga	gacaaggcca	ggctggagtg	cagtggcacg	atctcagctc	18600
actgcaatgt	ctgcctccca	ggctcgagtg	atcccacctc	agcctcccca	gtagctggaa	18660
ctacaggtgc	acaacatcac	acctggctaa	cttttgtatt	tttttagaga	cggagtttca	18720
ccgtgttgcc	caggctgggc	ttgaacttgc	gagctcaagt	gaactgcctg	cttcggcctc	18780
ccaaagtgtc	gggattacag	gcatgagcca	ctgtgcccg	cctgcgctat	tattatcccc	18840
attttgcccg	gcctgcgcta	ctattatccc	cattttcccc	catttccatt	tttcttttct	18900
tttttttttt	tttttttttt	tgagacattg	tcttgctctg	tcgcccaggc	tagagtgcag	18960
tggtacgatc	tcggctcact	gcaacctcca	cttcccgggt	tcaagcaatt	ctcctgcctc	19020
agcctcccaa	gtagctggga	ttatagggac	ctggcactgc	acttggctaa	tctttgtgtt	19080
tttagtaaa	acgggggtctc	accatcttgg	ccaggctggg	ctgggaactc	tgacctcgtg	19140
atccaaacgc	ctcggcctcc	caaagtgtctg	ggattacagg	cttgagctat	cgtgtcctgc	19200
tcccattccc	attttatagg	tgagaaaatt	ggcccacaga	gatgaaatga	cttgcccaag	19260
ttcacagcca	agagtggcag	tgccaaaatc	ttcgtccaaa	tctctgattc	tgtatcctga	19320
atctgtatat	ccactcctgg	ctgtctggat	taagtgtcca	tcattggcag	ggggttgtga	19380
gagccgcttg	tgatgggcct	cgaatgccaa	cctaggagat	ttgctttcat	cctaagggcc	19440
agtgaagggt	ttgaagcagg	aatatgccat	gattagatct	ggctatttgt	ctttaagtgc	19500
tggataacta	tccatgtctt	ttacattcag	gtgctggggt	gcattcattc	aggagtattt	19560
cctgagcatc	acgtagggtt	tcaggggctg	agtagtcaga	gatgagttag	atgaggctcc	19620
tgccctttta	gatttatggg	aaggtaggaa	ccaatcacgg	taatcaaaa	tgttatgtgg	19680
ctgggcacgg	tgggtcacac	ctgtaatccc	agcactttgg	gaggccgagg	tgggcggatc	19740
acaaggtcag	gagttcgaga	ccagcctgac	caacatgggtg	aaacccccgtc	tgtactaaaa	19800
atacaaaaat	tagccagggtg	tggtgggtggg	tgcttgtaat	tccagctact	caggaggctg	19860
aggcataaga	atcgcttgaa	cctgggaggc	agagggtgca	gtgagccaag	atcgcgccac	19920
tgagctccag	cctgggtgac	agagcaagac	tccgtttcaa	aaaagaaaaa	aaaaaaagaa	19980
ataaataaaa	gaaagtgtta	tgttttctgt	aagagggtag	gtaacctaat	ttggaagttg	20040
aggggtagaa	aagattat	ctgggggatg	gagacagaga	cttctggctt	cctattctga	20100
catccatttt	tccctttctc	ctcagtaaaa	gaaaagaaca	ctggttgtat	tttatgggtg	20160
cactatgtcc	agcagaaaaa	ggcatttctc	agtctccttg	cagcaaggta	aagccatctg	20220
ataaaaat	gtccagttgg	atataagcca	aaatgttgcg	tgacaatttt	gggaggactt	20280
cctgaaacag	gtggacaac	cctttttcta	ctgagtcacc	tttgtgccac	ctggaactaa	20340
cagtgtgacg	cgtggaattt	aggcagccat	attgaaccat	gaggacaaga	gcagtgggga	20400
tggcggaacc	aagagctgga	aggtgcctga	gtctctgggtg	aagatgtgga	gctgctgtaa	20460
cagccctcaa	ctcctagttc	tggacttctt	ttatgtttta	gtgtaacgct	ttgggtattt	20520
ttat	tttttttt	aat	ttat	tttt	tttt	20580
ctcttatgct	caagcagtc	tcctgcctca	gcttcatgag	tagctgaaac	tatagcactt	20640
tgggtatttc	agccactgtt	tgagggtttt	ctagcacctc	ctggaatatc	aagcttaaca	20700
tgtccaatcc	ttgccccag	tatttttctc	cccaaatttt	ctcaatctca	ataaatgtca	20760
ccaccatcca	cctggttgc	caggtcaaaa	acctagaaat	cattcaagtt	ctctcccttt	20820
ccctcatccc	caatatccat	tccatcagca	acatctgtcc	attctacctc	caagacatat	20880
cccagatctc	atcacctttg	tctgcctctc	ctaccctcac	tctcatccag	catcatccct	20940
cacctggact	ctgcaaaagc	ctactcgtgg	gtctgtctgc	atccctgtct	gcctcctcca	21000
gggcccattct	ccaccocagtg	gccggatcga	tttttcaaag	aggtaaatca	gatcaattca	21060
cctttctgct	taaaaccctc	cgagggtctgc	ccgtaacatg	tagaataaaa	tagagacccc	21120
ttcccgggga	cttcaagggtg	ctatatggcc	tgcccccttg	ctgaccttac	ttcactctgg	21180
gctcgctagc	cttgcctgtcc	ctcaaacatg	ctgagctcgc	tcccaccaca	gggccttttc	21240
ccttttcttc	cttctgcctg	gaatgttctt	ctccccacct	cccaagcccc	atcttcccag	21300
ggctgactcc	tgttcccatt	tgggtctcaa	atcatatcag	taccttctca	gagaggcctt	21360

ccctcactgc	tcatacccttc	accttttagaa	cacttttcttt	tctttttaaga	gacaaaagtca	21420
gcccagtgcg	gtggctcacg	cctgtaatac	cagcacttttt	gagaggccaa	ggcgggcaga	21480
tcacctcagg	tcaggagttc	aagaccagcc	tggccaacgt	ggcgaaaccc	cgtctctact	21540
aaaaaaatac	aaaaattagc	taggcagtg	tagccccggc	tactcaggag	gctgaggcag	21600
aattgcttga	accagggagg	cagaggttgc	agtgagccga	gattgagcca	ctgcacccca	21660
acctgggtga	cagagagaga	ctctgtctca	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaag	agacagggtta	21720
ttgctctgtc	accagggctg	gagtgcagtg	gtgcaatcat	ggctcactgc	agcctcgaac	21780
tcctgggctc	aagccatcct	cccacctcag	cctcctaagt	agctgagatt	ataggctcct	21840
cccaccacac	ctggctaatt	tttgtgcttt	ttgtggagac	acagattctc	catgttgccc	21900
aggtgggtct	ccaactcctg	gggtcaaagg	atcctcctgc	ctcggcttcc	caaagtgtctg	21960
ggattacag	cgtgagccac	tgcgcctggc	ccagaacact	tgctatttcc	tcaccattgc	22020
tttatttctt	ctatgaagat	ttcactggaa	ttatcagatt	aatttgctta	tttgtttact	22080
gtctgtttgt	caccatgac	tggaaatgat	actctaggaa	ggcagggata	taatccaatg	22140
ggtttactgc	tgcaccccta	gtaccagaa	gagtgtctgg	cacctgataa	gtgtctgggg	22200
aacttgctac	atgaattaca	tgtgtcagat	gggatattctg	ttcgtctttc	ttctctcttt	22260
tttctttctc	tctttctctc	tctctttctt	tctctttctt	tcttttttct	ttttttgaga	22320
taaggctctg	ctctgtcacc	caggctagag	tgcagtgggtg	caatcatggc	tcactgcaac	22380
cttgaacatg	tgggtcaca	cgatcctccc	acctcaggct	accaaatagc	taagactaca	22440
gaggtgcgta	gctatgcca	gctaattaaa	aaaaaaaaaa	tttttttttt	tttttagaga	22500
tgggggtctc	aatatcttgc	ccaggttgggt	cttgaactcc	taggctcaag	caatccccct	22560
gccttggcct	cccaaagtgc	tgggattata	ggcatgagcc	attgcagctg	gcccagacag	22620
aatctcattt	cagcccgaca	actttgtgac	atcattattt	tcactctaaa	cacctagggt	22680
gatccagct	caaccacttg	ccatctgtgt	gacctgtggg	caagtgacct	tacctttcgg	22740
agcctcagtt	gccccatcta	taaaatggga	atgatgccag	tgccctgcctc	ataaggatga	22800
gccccgctcc	tgaagctcag	ggagccctct	ctgcaaggct	gttttagtgc	aacctccgga	22860
aacatgcccc	tgcattgtgaa	aactggcatg	cacattctgg	tgctttttaa	aacatctcga	22920
agcctatcca	cagatcctgg	acctcaagac	tggttcagtg	ctagccccc	attttacaga	22980
tgtggagaat	gaggcttagc	gggtcccagg	caagtcaagt	gcaaaactca	ccatctcctg	23040
ggagccatca	ggttcctctg	gatctgcccc	caccaaattt	atcccttgct	ctctgcttga	23100
gggtgcacat	ggggtgaggg	tgggggtctt	ttgttttact	ccctccccct	cctgaggagt	23160
cagtaaccaa	cagtgtctgt	gcctggaata	ttaatgtctc	agcagctttt	gtttgggggg	23220
ttgggggtgg	tggggggcgg	actttctggt	cagagagggg	ctgagctttg	gggactgagg	23280
cactggccct	ttaaactgtg	ttgacagcca	ggagtgcgtca	tggggatgggt	gcttggaata	23340
ggggacaggg	aggggttggg	aaagagtggc	ggagcaggtta	atgcgtaaga	cccaggaatc	23400
cagcccccac	ctacctctc	tcccaggacc	caggagtcta	ggctcccagc	ccctcctcca	23460
tcaggttcca	ggagtctgga	accccggtct	ctttccgcct	tagaccagag	aattcagccc	23520
ccaaccacct	cctctctcag	gttcccgaac	tccagacccc	tagccccctt	ctcgatcagg	23580
accagggagt	ctgggctgtc	agcagccctt	tccttcaaac	ctaggagtca	gagccccag	23640
ccctctccta	gcttagacac	aggagtctgg	gcctccagcc	ccctcctcct	tcaggaccca	23700
ggagccaggg	gtccagagta	cacagctggt	ggatgtttcc	acggagacta	agcagggtgg	23760
ggggagcgct	tctctgggtcc	tgagttagcg	aatacccaag	ggagtctcaa	ggtcatagtt	23820
ccgggaaggt	caccaccacc	ccctctgtat	ccgctcccca	gggggtcctc	ggcatcctgc	23880
ctccttcccc	cttctcctct	tagggagggtg	gtacatccct	gcgtcctgac	tgaaccccc	23940
tcagccccc	atcaatggcg	gagtccgaac	atcctcgcac	aaagcgtcaa	ttcttcccca	24000
gctcagcctt	gtgaaggcgc	ctgtattcgc	aggacctagg	cgtcagggtc	tcagccctc	24060
ctccctcaga	aacctgcagt	ggaatcccc	gcctccagcc	ccttctctcc	tcaggaccca	24120
ggagtctgta	tcctcatccc	ttctcctctc	aagacctagg	agtgtggact	cccagcccc	24180
ttttccttcc	ggacacagga	gttccagccc	tcggccctct	cctctcttaa	accaggggtg	24240
ctaagacccc	agcctcctcc	tccctcaaac	tcaggagtct	aagatcccag	gccccctc	24300
cctcagactc	aggagtctaa	gatcccaggc	ccctcctccc	tcagactcag	gagtctaaga	24360
ccccaggccc	ctcctcctcc	agactcagga	gtctaagatc	ccaggcccc	cctcctcag	24420
accagggagt	ctaagacccc	agccccctct	ccctcagact	caggagtcta	agaccccagc	24480
ccctcctccc	tcagactcag	gagtctaaga	ccccagcccc	ctcctcctcg	gacccaggag	24540
cctaagacct	cagccccctc	ctccttgaga	cccaggagtc	taagacctta	gtcctctcct	24600
ccttttagacc	cattagtcca	ggcccccaga	ccctcctcca	tcagacccag	gagtccaggc	24660
ccccagcccc	tcctccatca	gatccagccc	ctcctctcct	gaaaactttt	gactctaact	24720
ccccagctct	aagcccttag	aagcacagtc	ctgcctttcc	tcaatcctct	gtccccctcc	24780
atctgggggac	ctaggcatca	gggtggggcg	taggggtgag	tcagcaacct	cacacacaaa	24840
gtccccgctg	tggcccccac	attcctggga	tattcgggac	tccttgatt	ccaggcctca	24900

ggcccagcca	gggagtgggg	agtccccag	aggtectccc	tgggtgtggg	gtacgagagg	24960
aattcctgct	ccgggaaggg	tgcaggcctg	cactgagctc	cctctgtccg	aacctccacg	25020
cccagtgcce	tctattcacc	ccctcttccc	agaagagccc	aggctcagca	cctgcccctt	25080
gccccactgg	gtgcccacgg	aggagcctgc	gtgcctgtct	cctatggggc	tgggggtctgc	25140
acaggcggaa	atcagtgggt	gcttccggtc	tgatgccaca	ggccattgga	tgctggcggg	25200
tctgactgtc	tccaggccac	ccccacccc	tcccagagag	agaaagctgc	ctttgtgttc	25260
tccaagatgg	ggacaggcca	ggctcgcacg	acattaaccc	agccttaggc	cccagccctg	25320
ctgtgtctaa	ggctcttgaa	tccactgcag	aacctgaccc	ccacccccag	gctctgggga	25380
cacaggcgcc	tggctcatgg	gtgggtgggt	gggggggtca	gtgatagaaa	cctccaaaac	25440
ctgttccttg	gggtgactca	caatggaggg	agggctcccc	tattctcaag	agtggctggg	25500
cagaatttta	gcaggaaaaa	gtgagtcacc	ctgggaagga	aacattatct	agggaccaac	25560
aactgcccc	tccacaagac	ccctcaactc	ctaatagcct	ctctattctt	tctttgtatt	25620
ggatatctgt	ttcctctcct	cctttctgtt	ctacccagtt	tctggctgcg	ggtcccattt	25680
ctgcctgggt	gcattccctg	gcaggcaacc	catccctccc	tcttgctttc	tctcctctgc	25740
ccaccctgga	tccttctttg	ggcataaatc	tcattctctt	ctgctatgct	cagaagatga	25800
atgaaccagg	agagagagaa	catgttttta	aaatggcgca	aatgcacccc	atctcccccg	25860
attctgtctg	gctgggcaag	gtgagagagg	aagaagtgcg	taagagagaa	atgtgggga	25920
aacagatacc	ccctaaaatg	tggtagccaa	ggccactgag	aaatatccaa	tggaaaaggag	25980
agcaggaagg	gccctccaag	accacatgct	acagcctcct	accccatgct	ttacagaacg	26040
ggaaagtaag	gcccagagag	ggacaaggac	tgatgcaaaa	ttatactaaa	gggtcctggg	26100
taaggcttgg	acccaagtct	cttagctccc	agctgagagc	tcttcccatg	acaccaagct	26160
cagtttctac	tggtaaaaag	cacatactat	ttacttttaga	gaaagtttac	agagaggggt	26220
agggtgccag	gaagcagtga	cttggaatc	aaacgagggg	cagggctgta	gacctaaact	26280
ccagaagcac	cagagaaaag	cttttgacg	gggcgggtgg	tcaccttaag	ctatatctctg	26340
atcctgagaa	ttcaaagtct	gatgattcta	agctgtcagg	attctaaatg	tcataagatgt	26400
caagatccag	gaactccaag	acatcaagat	ttcacgattt	ttaagacgtc	aagatgctag	26460
catgctaaca	ccatcacggt	tctagaactt	taaagggtgc	aagattctaa	agccttctgg	26520
attctagaat	cctgtagatg	tcagcattct	aaagtaccat	caggttcttt	atttactgga	26580
ttcattagtt	ccaggattct	atgagcctgg	tgtttagcct	aaaaataaaa	gataaattaa	26640
aattgatgga	aatgtcactg	aggtaccaaa	gttctcatct	gggaaattgt	ggcatgtctg	26700
ttgtaaaagaa	aggaggtaat	gatgcaagtt	ctaaagcagt	cacagaagac	tagagaagaa	26760
agaaagacag	tgagaggaca	gctttgcccc	tcattcctggc	cgagggtgag	atggctctgc	26820
ctcaaaccct	ggagtgggga	acatgtaacc	gcactcaact	tgccagaaac	cccttcacgg	26880
tctgagctgg	cgttcccttt	catgtcactg	agttcaacat	cctcacttta	cagaaagaga	26940
aacagaagcc	tggagagagg	aagggtgtta	ccattggctg	cgatggcaaa	tggcaagagc	27000
caagatttaa	gcccaggccg	ccagccccat	gccacctggg	tataactcct	ctcaccaatc	27060
tctgccgaac	accagccct	cctgcttctg	cctagccacc	ttccaatcct	ctgttccttc	27120
caaaagtggc	cttatccacc	agggaggggt	gaccogtggc	aggttcaaga	cttacacagt	27180
gtgagagtgt	gtgtgggtga	catttcctga	ccttgtcccc	attctcaggg	tcacccaacc	27240
tgggggtct	ccagcttctc	acagtgtgtg	atgagggtat	gtggatggct	ccctggatgt	27300
cctggacagg	ggcttctctg	tgagtcaagc	ctgggtgtgt	gaatgggtga	gcaggggttg	27360
gagaggcatt	cgctgaatcc	acgtgtgtgc	ctacacgcca	aggtccccc	ttctcacttc	27420
cccacacaca	tgacacaga	tgttccctc	cagggtctct	tagaatgccc	tgcttgactg	27480
aattcctctt	gaagggcaca	gagggataga	gagaggagg	aaggtaggat	gggaatggga	27540
gatcccggga	tggaggctgt	aagcgtagag	agaggaggca	cagcagaaag	acagggatgg	27600
agatagtggg	acagagaagg	gggaaagaga	caggtgacag	aaagggttag	agaaacgagt	27660
gacagaaaga	caggggacag	agacaagggg	atggggcaga	taggggacag	agaaaaagg	27720
acagaaaaac	aagggtgaca	gcgagacaga	gacagggacc	aagaatagg	gcagagaggg	27780
agggcagaaa	tccgggggaa	agagaataga	caggatgatg	gaggggacag	agtgaccacg	27840
gaaaaggggg	cagagaccag	gggacagagg	taggggacaa	agacagaata	gatgaggaa	27900
accgaggcaa	gaagagaggg	agacagacag	aaggaggagc	aggacttcga	gactgaggga	27960
tagaggacaa	gggtaggggg	acgaggagcc	agacgggggg	gttcagagac	gggcggacag	28020
agggacgcag	agactggaca	gaaggacagc	gggaccggcc	tggggagggc	ggacttgtgt	28080
gtgtaggggg	gtctcgggcc	ctttgtcccc	gccgggatcc	agcctgcgcg	ggtggggggg	28140
ctgcggcacg	gcggccgggc	cccgccccc	ctcccccgct	cgctcgtccc	ggctcccggc	28200
ccgcgctgcg	ctttgtcccc	gggagggggc	ccggcccggc	ccccgcgcga	ttgttcggcc	28260
tctgcggccc	cgaggctgcc	gggtgtcac	cacagcgcgc	ccccgcgcgc	agcccggccg	28320
gccgacccc	gcccccgacc	ctacctggcc	ccgcccgggc	cgcccacagc	agcagcagcg	28380
gccactggaa	gcgcccggcc	cggcccattg	tgccgcgcgc	ccgcccgcgc	ccgctcgtct	28440

ccggcccgcc	acctgcaccg	cccgcgcgcg	ccgccccg	ccccgcgccc	cgccccctgc	28500
ccgcccgggg	gcggggcgcc	gaggccgggg	cgggccgggg	gaggggaggg	ggagacggag	28560
gagagggccc	gagacaatcg	gggggacggc	acgggtgggg	aacgggtgcg	ggtgcgaaag	28620
ctggagagga	gaggggtgag	gagggcgsga	aggggtgscg	gggagggcga	cagcggcgtg	28680
ggagcaggtg	ggggatctcg	gtgagcgcg	gaaatggagg	gtgttgggtg	aggggtgctg	28740
gtgcggggcc	aggtgctgcg	cgcgaggggt	cggagttgct	ggcatgcagg	gtgcttgcgc	28800
tgcgcggagg	ggaggggtgg	aggggtgttc	tggagggctgt	gcgaggggtg	gggcgcgggc	28860
gtcgtgggg	gcggtgtgtg	cgaagggaga	gcgtggccag	cgtgacgggg	gagcgtaaag	28920
gagggagtg	gacgtgggaa	aggtgagtg	gagaggcgtg	ctgcgggcag	gtgggtgtct	28980
ggagtctagc	gagaggctgt	gagctgagcc	accgggacag	gggaggctgc	agctggaggt	29040
ccggagggtg	cggagggtcga	ggcaggtcaa	ggatctccca	gggcaggggc	aggctggggc	29100
tcaggagtg	ggtaggggtca	gttccctccc	tccctctctc	ctgtcctgac	ctgaaaaacc	29160
cgtgtttccg	cgtcattctc	cgggaggggc	cccctgaaag	tgaactaact	ggaaggaagc	29220
ctgaatcctg	gggtccagga	gggagaggct	cctgtgaaca	ccttccaagc	cctggcgtcc	29280
cctctcctcc	ctgctgtctc	cctgccccag	cctctctccc	tctctctgca	tgtatttgcc	29340
tctgcccttc	ctctctcccc	atctttgagg	gtgactcacc	cctccagact	taggtccctt	29400
ctccctcctg	ggagtgggtt	tccctgagcc	cacttctgtg	acaccctgta	gacctgatgc	29460
gggatcatta	cctatgggac	ccagaaagag	tgagaaacca	tggaaagaag	gcctcgacct	29520
ctctcatgcc	cattttgtcag	gcaaactgag	gtccagaagt	gccaattatg	aacatctttc	29580
cttccccctc	ccccctcccc	cgcccagagc	gagtcctcgt	ctgttgccca	ggctggagtg	29640
cagtgccacg	atctcgactc	actgcaacct	ctgcctccca	ggttccagtg	attctcctgc	29700
ctcagcctcc	cgagtagctg	agattacagg	cgccccccac	catgcctagc	taatttttat	29760
atttttagta	gagacggagt	tttgccatgc	tggccaggct	ggtcctgaac	tccttacctc	29820
aggtgatcca	tctgtctggc	ctcccaaagt	gctggattac	aggcgtgagc	caccatgcct	29880
ggctgaaaa	ccttactttt	tattccgact	aaaaaatttt	acatccagtc	ccacaagggg	29940
cttcagcttc	acacaccctt	tctgtcctca	gtacccagct	cccagtatcc	tttctgacct	30000
caaaaccata	gctaccatca	acccttgtgt	cccaggacca	tggctcccag	tgtcttctct	30060
gtcctcagg	tccaagctcc	catcaactcc	tgtgtcctca	ggaccacggc	tcccagcatc	30120
ctctctgtcc	tccaggtcca	agctcccatt	aaccctgtg	aagcaggacc	atggctccca	30180
gcatectctc	tgtcctcagg	gtccaagctc	ctatcaactc	ctgtgtcccc	aggacgatgg	30240
ctccagcaat	cctctctgtc	ctgagagccc	aagcttctaa	ctgcccctgt	gtccccagat	30300
ccatagccct	gagcaacttc	cttctttttc	agtcctcagc	ttcccagctt	ctgtagactt	30360
gggaagagat	agtctctaat	cctctttcca	gggctcacat	tctgtgactt	ttgctagatg	30420
ggagaggaat	gtttgatctg	cctttggaat	actgggtccaa	ggggtaacta	gtagttgcct	30480
tttcccgag	gagccaatat	gcccgtcac	tctgtgctct	gacagatgtc	tcctgtctca	30540
gctgaagggg	aaccttggga	gatgttggtt	tggttctcac	ctgtcatcct	taagtcccac	30600
cattccatgt	gaagacatca	caagagtagt	ggctcctgac	ggcgcgttgg	ctcacacgtg	30660
taatcccgag	actttgggag	gccagtcact	tgaggtcagg	agtttgtagc	30720	
cagcctgacc	aaccggccaa	catggtgaaa	caccatcttt	acaaaaaaa	aaaaaaaaa	30780
ttagcaaggc	gtggtggcac	gtgcctgtaa	tcccagctgg	tcggaaggct	gaggcatgag	30840
aatcccctga	acttgggagg	cagagggtgc	agtgaagctaa	gatcatgcca	ctgcactcca	30900
gcctgggtga	cagaatgaga	ctcagtcctaa	ataataataa	taataataat	aataataata	30960
ataataataa	taaatagaat	agtggctcctg	tccccatcct	acttcagggt	accctgtcca	31020
ttagggattt	agtgaagtg	acagcaagtg	caacccaact	ggtttgagag	aaagagaact	31080
ggttcacaca	taacaaaaag	tccttctatg	gctggctttg	gcgaggtctg	tcaatctctg	31140
tcctaaggat	gcattggctcc	cctcctgtag	caagatgggt	ggcagatacc	cctggggcca	31200
gattcatatt	tgggggtgatt	aagattctgc	aagagagaga	caacctttat	ttcacacagc	31260
ttttcaattg	ttgcctgtcc	ctggtgagac	tcggagacct	agctcttgcc	tggtttctaa	31320
actttcaata	acaccgtttt	tgtttaagtc	agcacaaaaca	gattttattt	cttgcaagca	31380
aagattcctg	aacaacaact	tcagagccgt	taacaatgag	gtcctgatca	caagctatgg	31440
tataggacgt	gagaaatttg	tccctagcct	caatatctgc	tggagggcat	catggaataa	31500
gtattttctat	cctctgatcc	ccactgtagg	gcacatgggg	atatataatc	ctaacccttca	31560
atctctgcca	tagagtttca	taggcaatgc	agtcctagcc	tcaatatgtt	gtagggaatt	31620
atgggaaagg	tgaaattatc	ctcaattata	atacagagca	tctcagaaaa	tgtcgtttta	31680
gcctcatctc	tgctgtaggg	catcatggga	gatatacttc	tggcccaatt	tttgtgttaa	31740
ggtgccatag	aagatgcagt	ctttccttcc	ttcccttttt	tcttttcttt	ctttctttct	31800
tttttttttt	ttttattatg	tagagacagg	gtctctcgct	atgttgccca	ggctggctcct	31860
gaactcctgg	gctcaagcag	ttctcctgcc	ttggcctccc	aaagtgcctg	gattacaggc	31920
aagagccatt	gcacccagtc	ccttctctcc	tttctttctt	catcacctgc	catattccag	31980

gcactaggaa	taaatcatca	agtaaataaa	cggccttacc	ctccctggca	attataatgg	32040
ggaaagttag	ctaaaaacaa	acaaaaatta	ctgttccatt	taaccatcgc	tgaataacaa	32100
aataccccag	aacgtagtgg	tgtgaaacaa	caacctttta	attttatgat	tctgtgagtc	32160
aggaattgga	gcaggattgg	tgtgtatctg	cttcatgatg	aactggagcc	aaaaatgaac	32220
tagctggaac	agctggagat	ggaggggagg	ggcatcaagg	gccatatatc	taaggctggt	32280
ggttggtggt	gtgggttttg	aatagtgtcc	tccaagtaaa	atatatgttg	aagttctagc	32340
ccctgggtatc	tgtacatgtg	accttatttg	gaaataaaat	ctttgcaa	gtaattcact	32400
tttttgtttg	tttggtttgt	tgtctgagac	tgagtctcgc	tctgtcacc	aggctggagt	32460
gcagtggcat	gatctcggct	cactgtaacc	ttcacctcct	gggttcaagc	gattctcctg	32520
cctcagcctc	ccaagtagct	gggattatag	gcacgtgtca	ccatgcccag	ctaatttttg	32580
tattttcagt	agggacgggg	tttcaccatg	ttggccaggc	tggctctgaa	ctcctgacct	32640
caaatgatct	gccacctcag	cctcccaaag	tgtctgggatt	ataggcatgg	ggcactgcat	32700
cctgcccaga	tgtgattaac	ttctaacccc	tggatatctt	gcatgtgact	ttatttgga	32760
ataaggtggg	tttttttctt	gttttttttt	ttttttttga	gacagtttca	ctttgtcgt	32820
caggctggag	ttcagttgca	taatctcagc	tcactgaaac	ctctgcctcc	gaggctcaag	32880
cgatcctccc	gcctcagtc	cccgagtcac	tgggactacg	ggcaagcgcc	accacaccg	32940
gctaattggt	gcagtttttg	tagagatggg	gttttgccat	gttgcccagg	cggctctcaa	33000
ttgccacct	caagcaattc	atccgcctcg	gcctcccaga	gtgctggaat	tataggtgtg	33060
agccatggcg	cccggccaga	aagtctttgc	agatttagtt	gaattaatga	ctaaatgttt	33120
ccatgctgag	ttagagtggg	ctctaaatcc	aatgattgat	atggggttat	aaggagagat	33180
atltggagac	atagccacag	tcccaggga	ggtggacatt	ggaagacaga	ggtagggatt	33240
agagtgatgc	agctacaagc	caaggaatgg	caaagattgc	tggcagtc	tcagaagcaa	33300
aggagaggca	aggaagggtt	cttcccctga	gacttttttt	tttttttttg	agacggagtc	33360
tcactgctgt	cagcctcagc	tggagtgcaa	tggcgcgatc	tcggctcact	gcaacctctg	33420
cctcccaggt	tccagcaatt	ctcctgcctc	agcctcccga	gtaactgaga	ttacaggcac	33480
ccgccaccat	gcctggctag	tttttgcatt	tttagtagag	atgggatttc	accctgttgg	33540
ccaggctggt	ctcgaactcc	tgacctcagg	tgatccaccc	gcctcggcct	cccaaagtgc	33600
tgggattaca	ggtgtcagcc	ccggagactt	taaaagcatg	gctcttcccc	tgacgcttta	33660
aaagcgtggc	tcttcccgtg	agacttcaac	accttgggtt	tggacattta	gcattcagaa	33720
ctgtgagaga	acaagtttct	agtgtgtgtg	tgtgtgtgtg	tgtgtgtgtg	tgtgtgtgtg	33780
tgtgtgtgta	tgtgttttag	acagaggctc	attctgttgc	ccaggctgga	gtgcagtggg	33840
tcaatctcgg	ctcactgcaa	actccgcttc	tcagattcaa	gtgattctta	tgccctcagcc	33900
tcccagtag	ctggaattac	agaggagcgc	catcacagcc	ggctattttt	tttttttttt	33960
tttgtacttt	tagtagagac	agggtttcc	tgtgttggcc	aggctggtct	caaattcctg	34020
gcctcaagtg	atatgcctgc	cttggcctcc	caaagtgtcg	ggattacagg	tgtaaagccac	34080
cacactgggc	ctaagtttct	gtgtgtgtgt	gtgtgtgttt	tgttttgttt	tttttttttt	34140
tttgagtggg	gtctcgtct	gttggccagg	ctggagtgtca	gtggcatgat	ctcgactcac	34200
tgcaagctcc	gcctcccggg	ttcacgccat	tctcctgcct	cagcctcccg	agtagctggg	34260
actacaggca	cccaccacca	cgcccagtta	atltttttgt	tttttaatag	tgacagggtt	34320
tcacatgttt	agccaggatg	gtctcgatct	cctgacctcg	tgatccgccc	gcctcagcct	34380
cccgaattgc	tgggattaca	ggcatgagcc	accaaaccgg	gccaagtttc	tgtgggtttta	34440
agccaccttg	cttgtaagat	ttgtgtgtgt	gtgtttttta	ttttttattt	ttaagtatta	34500
tgaatacata	atagtgggtg	atattttacag	gacatatgta	atatggtttt	gggttttagt	34560
gttttttttt	tggagacaga	gtctggctct	gttgcccagg	ctggagtaca	gtgggtgggag	34620
catggctcag	tgcagccttg	acctcccggg	ctcaagggat	cctcctgcct	cagcctccca	34680
tgtaactagg	accacaggca	tgccccacca	catccagcca	atlttttttt	atlttttagtg	34740
gagatgaggt	ctcactgtgt	tggccaggct	gatcttgaac	tcctgagctc	aagagatctt	34800
cctttctcac	cctcccaaag	tgctaggact	acaggcatga	gccactgtgc	ctgtccttcc	34860
atgatgtttt	gatataggca	cacaatgtgt	tagtttataa	agtttgtaat	aatttatcac	34920
aggcagccct	aggaaactaa	tatagccaag	tttctgtttt	cttctctata	tcacatctgc	34980
tggggctaca	tgtccaaggt	ggctttcttca	cccacttgtc	tgggtgcctgg	gctgagatgg	35040
ctgaaacatc	tggggctcta	tctccacatg	gcattttatac	atgagttagct	tgggcttccct	35100
cacagcatgg	tgggtctcagg	gcagtagtac	ttttacatgg	caaccagctt	ccccagagt	35160
agcgttctaa	gattcagaaa	gtgaaaaatg	aaagtttctt	aaaacttggg	tccagaacat	35220
agcagagcaa	aaacttccacc	acttctact	ggtcaaagca	gtcacagagt	cactcatatt	35280
caagaggcag	aagtacagac	ctcacttctt	taagccacta	cagtgcaggg	tgggtgatatg	35340
tcattagaga	aagccctaaa	caagaacctt	gtccctcacc	tgccccaaa	taccatggaa	35400
gatgtctttt	tttttttttt	tttttttttg	gggatagtct	cactgtgtca	tgcagtgggtg	35460
tgatc						35465

<210> 57
 <211> 14327
 <212> ADN
 <213> Homo sapiens

<400> 57

```

ggccgagcag cggcgagcag cggcgagcag ggagcggcag gcgcggagcag agcgagcag 60
agagcggcgc gggcgggcgc atgggggtggc gggcgccggc gcgcgtgctg ctggcgctgc 120
tgctgcacgg gcggctgctg gcggtgaccc atgggctgag ggcatacgat ggcttgctc 180
tgctgagga catagagacc gtcacagcaa gcaaatgcg ctggacacat tcgtaccttt 240
ctgatgatga gtacatgctg gctgacagca tctcaggaga cgacctgggc agtggggacc 300
tgggcagcgg ggacttccag atggtttatt tccgagccct ggtgaatttc actcgctcca 360
tcgagtacag ccctcagctg gaggatgcag gctccagaga gtctcgagag gtgtccgagg 420
ctgtggtaga cacgctggag tcggagtagt tgaaaattcc cggagaccag gttgtcagtg 480
tgggtgtcat caaggagctg gatggctggg tttttgtgga gctcgatgtg ggctcggag 540
ggaatgcgga tggtgctcag attcaggaga tgctgctcag ggtcatctcc agcggtctctg 600
tggcctccta cgtcacctct cccagggat tccagttccg acgctgggc acagtgcctc 660
agttcccaag agcctgcacg gaggccgagt ttgctgcca cagctacaat gagtgtgtgg 720
ccctggagta tcgctgtgac cggcgggccg actgcaggga catgtctgat gagctcaatt 780
gtgaggagcc agtctgggt atcagcccca cattctctct ccttgtggag acgacatctt 840
taccgccccg gccagagaca accatcatgc gacagccacc agtcacccac gtcctcagc 900
ccctgcttcc cgggtccgctc aggccctgc cctgtgggcc ccaggaggcc gcatgccgca 960
atgggcactg catccccaga gactacctct gcgacggaca ggaggactgc gaggacggca 1020
gcgatgagct agactgtggc ccccgccac cctgtgagcc caacgagttc ccctgcggga 1080
atggacattg tgccctcaag ctgtggcgct gcgatggtga ctttgactgt gaggaccgaa 1140
ctgatgaagc caactgcccc accaagcgtc ctgaggaagt gtgcggggcc acacagtcc 1200
gatgcgtctc taccaacatg tgcattccag ccagcttcca ctgtgacgag gagagcgact 1260
gtcctgaccg gagcgacgag tttggctgca tgcccccca ggtggtgaca cctccccggg 1320
agtccatcca ggcttcccgg ggccagacag tgaccttcac ctgcgtggcc attggcgctc 1380
ccacccccat catcaattgg aggtcaact ggggccacat cccctctcat cccagggtga 1440
cagtgaccag cgagggtggc cgtggcacac tgatcatccg tgatgtgaag gagtacagac 1500
aggggtgcta cacctgtgag gccatgaacg cccggggcat ggtgtttggc attcctgacg 1560
gtgtccttga gctcgtccca caacgaggcc cctgcccga cggccacttc tacctggagc 1620
acagcgccgc ctgctgccc tgcttctgct ttggcatcac cagcgtgtgc cagagcacc 1680
gcgcgttccg ggaccagatc aggtgcgct ttgaccaacc cgatgacttc aagggtgtga 1740
atgtgacaat gcctgcgcag cccggcacgc caccctctc ctccacgcag ctgcagatcg 1800
acccatccct gcacgagttc cagctagtag acctgtccc cgcttctc gtccacgact 1860
ccttctgggc tctgcctgaa cagtctctgg gcaacaaggg ggactcctat ggcggctccc 1920
tgcgttacaa cgtgcgtac gagtggccc gtggcatgct ggagccagtg cagcgccgg 1980
acgtggtcct cgtgggtgac ggggtaccgc tctctcccc aggccacaca cccacccaac 2040
ctggtgctct gaaccagcgc caggtccagt tctctgagga gcaactgggtc catgagtctg 2100
gccggccggg gcagcgcgcg gagctgctgc aggtgctgca gagcctggag gccgtgctca 2160
tccagaccgt gtacaacacc aagatggcta gcgtgggact tagcgacatc gccatggata 2220
ccaccgtcac ccattgccacc agcatggcc gtgcccacag tgtggaggag tgcagatgcc 2280
ccattggcta ttctggcttg tctgcgaga gctgtgatgc ccacttcaact cgggtgcctg 2340
gtgggccccta cctgggcacc tgctctggtt gcagttgcaa tggccatgcc agctcctgtg 2400
acctgtgta tggccactgc ctgaattgcc agcacaacac ggaggggcca cagtgaaca 2460
agtgaaggc tggcttcttt ggggacgcca tgaaggccac ggccacttcc tgccggccct 2520
gcccttgccc atacatcgat gccctccgca gattctcaga cacttgcttc ctggacacgg 2580
atggccaagc cacatgtgac gccgtgccc caggctacac tggccggcgc tgtgagagct 2640
gtgccccctg atacgagggc aaccccatcc agcccggcgg gaagtgcagg cccgtcaacc 2700
aggagattgt gcgctgtgac gacgtggca gcattgggac ctccggggag gccgtccgct 2760
gtaagaacaa tgtggtgggg cgcttgatga atgaatgtgc tgacggctct tccacctga 2820
gtaccgaaa cccgatggc tgctcaagt gcttctgcat ggggtgtagt cgccactgca 2880
ccagctcttc atggagccgt gccagttgc atggggcctc tgaggagcct ggtcacttca 2940
gcctgaccaa cgccgaagc accacacca ccaacgagg catcttctcc cccacggccg 3000
gggaactggg attctcctcc ttccacagac tcttatctgg accctacttc tggagcctcc 3060

```

cttcacgctt	cctgggggac	aaggtgacct	cctatggagg	agagctgcgc	ttcacagtga	3120
cccagaggtc	ccagccgggc	tccacacccc	tgcacgggca	gccgttgggtg	gtgctgcaag	3180
gtaacaacat	catcctagag	caccatgtgg	cccaggagcc	cagccccggc	cagcccagca	3240
ccttcattgt	gcctttccgg	gagcaagcat	ggcagcggcc	cgatgggcag	ccagccacac	3300
gggagcacct	gctgatggca	ctggcaggca	tgcacacctt	cctgatccga	gcacacctacg	3360
cccagcagcc	cgctgagagc	agggctctctg	gcacagcat	ggacgtggct	gtgcccaggg	3420
aaaccggcca	ggaccccgcg	ctggaagtgg	aacagtgtctc	ctgcccaccc	gggtaccgtg	3480
ggccgtcctg	ccaggactgt	gacacaggct	acacacgcac	gcccagtggc	ctctacctgg	3540
gtacctgtga	acgctgcagc	tgccatggcc	actcagaggc	ctgcgagcca	gaaacagggtg	3600
cctgccaggg	ctgccagcat	cacacggagg	ggcctcgggtg	tgagcagtgc	cagccaggat	3660
actacgggga	cgcccagcgg	gggacaccac	aggactgcca	gctgtgcccc	tgctacggag	3720
accctgctgc	cggccaggct	gcccacacctt	gttttctgga	cacagacggc	cacccccacct	3780
gtgatgcgtg	ctccccaggc	cacagtgggc	gtcactgtga	gaggtgcgcc	cctggctact	3840
atggcaaccc	cagccagggc	cagccatgcc	agagagacag	ccaggtgcca	gggcccatag	3900
gctgcaactg	tgacccccaa	ggcagcgtca	gcagccagtg	tgatgctgct	ggtcagtgc	3960
agtgaaggc	ccaggtagaa	ggcctcactt	gcagccactg	ccggccccac	cacttccacc	4020
tgagtggcag	caaccagagc	ggctgcctgc	cctgcttctg	tatgggcac	acccagcagt	4080
gcgccagctc	tgccacaca	cgccacctga	tctccaccca	ctttgcccct	ggggacttcc	4140
aaggctttgc	cctgggtgaac	ccacagcgaa	acagccgcct	gacaggagaa	ttcactgtgg	4200
aacccgtgcc	cgagggtgcc	cagctctctt	ttggcaactt	tgcccaactc	ggccatgagt	4260
ccttctactg	gcagctgccg	gagacatacc	agggagacaa	ggtggcggcc	tacggtggga	4320
agttgcgata	cacctctctc	tacacagcag	gcccacaggg	cagcccactc	tcggacccccg	4380
atgtgcagat	cacgggcaac	aacatcatgc	tagtggcctc	ccagccagcg	ctgcagggcc	4440
cagagaggag	gagctacgag	atcatgttcc	gagaggaatt	ctggcgccgg	cccgatgggc	4500
agccggccac	acgcgagcac	ctcctgatgg	cactggccga	cctggatgag	ctcctgatcc	4560
gggccacgtt	ctcctccgtg	ccgttgggtg	ccagctcag	cgagtcagc	ctggagggtcg	4620
cccagccggg	gccctcaaac	agaccccgcg	ccctcgaggt	ggaggagtgc	cgctgcccgc	4680
caggctacat	cggctctgtcc	tgccaggact	gtgcccccg	ctacacgcgc	accgggagtg	4740
ggctctacct	cggccactgc	gagctatgtg	aatgcaatgg	ccactcagac	ctgtgccacc	4800
cagagactgg	ggcctgtctg	caatgccagc	acaacgcgcg	aggggagttc	tgcgagcttt	4860
gtgcccctgg	ctactacgga	gatgccacag	ccgggacgcc	tgaggactgc	cagccctgtg	4920
cctgcccact	gaccaaccca	gagaacatgt	tttcccgcac	ctgtgagagc	ctgggagccg	4980
gcgggtaccg	ctgcacggcc	tgccaacccg	gctacactgg	ccagtactgt	gagcagtgtg	5040
gcccagggtta	cgtgggtaac	cccagtgtgc	aagggggcca	gtgcctgcca	gagacaaacc	5100
aagccccact	ggtgggtcgag	gtccatcctg	ctcgaagcat	agtgccccaa	ggtggctccc	5160
actccctgcg	gtgtcaggtc	agtgggagcc	caccccacta	cttctatttg	ttccgtgagg	5220
atgggcggcc	tggtcccagc	ggcaccacag	agcgacatca	aggctccgag	ctccacttcc	5280
ccagcgtcca	ggcctcggat	gctggggctc	acatttgac	ctgccgtaat	ctccaccaat	5340
ccaataccag	ccgggcagag	ctgctggtea	ctgaggctcc	aagcaagccc	atcacagtga	5400
ctgtggagga	gcagcggagc	cagagcgtgc	gccccggagc	tgacgtcacc	ttcatctgca	5460
cagccaaaag	caagtcccca	gcctataccc	tggtgtggac	ccgcctgcac	aacgggaaac	5520
tgcccacccg	agccatggat	ttcaatggca	tcttgaccat	tcgcaacgtc	cagctgagtg	5580
atgcaggcac	ctacgtgtgc	accggctcca	acatgtttgc	catggaccag	ggcacagcca	5640
ctctacatgt	gcaggcctcg	ggcaccttgc	ccgccccctg	ggtctccatc	catccgccac	5700
agctcacagt	gcagcccggg	caactggcgg	agttccgctg	cagcgccaca	gggagcccca	5760
cgcccaccc	cgagtggaca	ggggggccccg	gcggccagct	ccctgcgaag	gcacaaatcc	5820
acggcggcat	cctgcgcctg	ccagctgtcg	agcccacgga	tcaggcccag	tacttgtgcc	5880
gagccacag	cagcgtggg	cagcaggtgg	ccagggtgt	gctccacgtg	catggggggcg	5940
gtgggcccag	agtccaagtg	agcccagaga	ggaccaggt	ccacgcaggc	cggaccgtca	6000
ggctgtactg	cagggtgca	ggcgtgccta	gcgccaccat	cacctggagg	aaggaagggg	6060
gcagcctccc	accacaggcc	cggtcagagc	gcacagacat	cgcgacactg	ctcatcccag	6120
ccatcacgac	tgctgacgcc	ggcttctacc	tctgcgtggc	caccagccct	gcaggcactg	6180
cccaggccccg	gatgcaagtg	gttgtccttt	cagcctcaga	tgccagccca	ccgggggtca	6240
agattgagtc	ctcatgcct	tctgtgacag	aagggcaaac	actcgacctc	aactgtgtgg	6300
tggcagggtc	agcccatgcc	caggtcacct	ggtacaggcg	agggggtagc	ctgcctcccc	6360
acacccagggt	gcacggctcc	cgtctgcggc	tccccagggt	ctcaccagct	gatttctggag	6420
aatatgtgtg	ccgtgtggag	aatggatcgg	gccccaaagg	ggcctccatt	actgtgtctg	6480
tgctccacgg	cacccattct	ggccccagct	acaccccagt	gcccggcagc	acccggccca	6540
tccgcatcga	ggcctcctcc	tcacacgtgg	cgggaaggga	gaccctggat	ctgaactgcg	6600

tggtgccccg	gcaggccccc	gcccagggtca	cgtggcacaaa	gcgtggggggc	agcctccctg	6660
cccggcacca	gacccacggc	tcgtctgtgc	ggctgcacca	ggtgaccccc	gccgactcag	6720
gcgagtatgt	gtgccatgtg	gtgggcacct	ccggccccc	agaggcctca	gtcctgggtca	6780
ccatcgaagc	ctctgtcatc	cctggaccca	tcccacctgt	caggatcgag	tcttcatcct	6840
ccacagtggc	cgaggggccag	accctggatc	tgagctgctg	ggtggcaggg	caggcccacg	6900
cccagggtcac	atggtacaag	cgtgggggca	gcctccctgc	ccggcaccag	gttcgtggct	6960
cccgcctgta	catcttccag	gcctcacctg	ccgatgcggg	acagtacgtc	tgccgggcca	7020
gcaacggcat	ggaggcctcc	atcacgggtca	cagtaactgg	gacccagggg	gccaaacttag	7080
cctaccctgc	gggcagcacc	cagcccatcc	gcctcgagcc	ctcctcctcg	caagtggcgg	7140
aagggcagac	cctggatctg	aactgcgtgg	tggccgggca	gtcccatgcc	cagggtcacgt	7200
ggcacaagcg	tgggggcagc	ctccctgtcc	ggcaccagac	ccacggctcc	ctgctgagac	7260
tctaccaagc	gtcccccgcc	gactcggggc	agtacgtgtg	ccgagtgttg	ggcagctccg	7320
tgccctctaga	ggcctctgtc	ctgggtcacca	ttgagcctgc	gggctcagtg	cctgcacttg	7380
gggtcacccc	cacgggtccgg	atcgagtcac	cgtcttcgca	agtggccgag	gggcagaccc	7440
tggacctgaa	ctgcctcgtt	gctgggtcagg	cccattgccc	ggtcacgtgg	cacaagcgcg	7500
ggggcagcct	ccgggcccgg	caccagggtgc	atggctcgag	gctacgcctg	ctccaggtga	7560
ccccagctga	ttcaggggag	tacgtgtgcc	gtgtggtcgg	cagctcaggt	acccaggaag	7620
cctcagtcct	tgtcaccatc	cagcagcgcc	ttagtggctc	ccactcccag	ggtgtggcgt	7680
accccgctcc	catcgagtc	tcctcagcct	ccctggccaa	tggacacacc	ctggacctca	7740
actgcctggg	tgccagccag	gctccccaca	ccatcacctg	gtataagcgt	ggaggcagct	7800
tacccagccg	gcaccagatc	gtgggctccc	ggctgcggat	ccctcaggtg	actccggcag	7860
actcggggca	gtacgtgtgt	cacgtcagta	acgggtgcagg	ctcccgggag	acctcgctca	7920
tgttcaccat	ccagggcagc	ggttctctcc	acgtgccag	cgtctcccca	ccgatcagga	7980
tcgagtcgtc	ttccccacg	gtgggtggaag	ggcagacctt	ggatctgaac	tgcgtggctc	8040
ccaggcagcc	ccaggctatc	atcacatggt	acaagcgtgg	gggcagcctt	ccctcccgac	8100
accagaccca	tggctcccac	ctgcggttgc	accaaagtgc	tgtggctgac	tccggcgagt	8160
atgtgtgccg	ggccaacaac	aacatcgatg	ccctggaggc	ctccatcgtc	atctccgtct	8220
cccctagcgc	cggcagcccc	tccgcccctg	gcagctccat	gccccataga	attgagtcac	8280
cctcctcaca	cgtggccgaa	ggggagaccc	tggatctgaa	ctgcgtggtc	cccgggcagg	8340
cccattgccc	ggtcacttgg	cacaagcgtg	ggggcagcct	ccccagtcac	catcagaccc	8400
ggggctcagc	gctgcggctg	caccatgtgt	ccccggccga	ctcgggtgaa	tacgtgtgct	8460
gggtgatggg	cagctctggc	cccctggagg	cctcagtcct	ggtcaccatc	gaagcctctg	8520
gctcaagtgc	tgtccacgtc	cccgccccag	gtggagcccc	acccatccgc	atcgagccct	8580
cctcctcccg	agtggcagaa	gggcagaccc	tggatctgaa	gtgcgtggtg	cccgggcagg	8640
cccacgcccc	ggtcacatgg	cacaagcgtg	gaggaaacct	ccctgcccgg	caccaggctc	8700
acggccccact	gctgaggctg	aaccagggtg	ccccggctga	ctctggcgag	tactcgtgcc	8760
aagtgaccgg	aagctcaggc	accctggagg	catctgtcct	ggtcaccaat	gagccctcca	8820
gcccaggacc	cattcctgct	ccaggactgg	cccagcccat	ctacatcgag	gcctcctctt	8880
cacacgtgac	tgaagggcag	actctggatc	tgaactgtgt	ggtgcccggg	caggcccatg	8940
cccaggctcac	gtggtacaag	cgcgggggca	gcctccccgc	ccggcacccag	acccatggct	9000
cccagctgcg	gctccacctc	gtctccctg	ccgactcagg	cgagtatgtg	tgtcgtgcag	9060
ccagcggccc	aggccctgag	caagaagcct	ccttcacagt	caccgtcccc	cccagtgagg	9120
ggtcttccta	ccgccttagg	agcccgggtc	tctccatcga	cccggcccag	agcaccgtgc	9180
agcaggggcca	ggatgccagc	ttcaagtgcc	tcatccatga	cggggcagcc	cccatcagcc	9240
tcgagtggaa	gacccggaac	caggagctgg	aggacaacgt	ccacatcagt	cccaatggct	9300
ccatcatcac	catcgtgggc	acccggcccc	gcaaccacgg	tacctaccgc	tgcgtggcct	9360
ccaatgccta	cgggtgtggc	cagagtgtgg	tgaacctcag	tgtgcacggg	ccccctacag	9420
tgtccgtgct	ccccgagggc	cccggtgtgg	tgaagtggg	aaaggctgtc	accctggagt	9480
gtgtcagtg	cggggagccc	cgtcctctg	ctcgttgag	ccggatcagc	agcaccctct	9540
ccaagtggga	gcagcggaca	tatgggtc	tggacagcca	cgcggtgctg	cagatttcat	9600
cagctaaacc	atcagatgcg	ggcacttatg	tgtgccttgc	tcagaatgca	ctaggcacag	9660
cacagaagca	ggtggagggtg	atcgtggaca	cgggcgccat	ggccccaggg	gcccctcagg	9720
tccaagctga	agaagctgag	ctgactgtgg	aggctggaca	cacggccacc	ttgcgtgct	9780
cagccacagg	cagccccgcg	cccaccatcc	actggtccaa	gctgcgttcc	ccactgccc	9840
ggcagcaccg	ctgggaagg	gacacactca	tcataccccg	ggtagcccag	caggactcgg	9900
gccagtacat	ctgcaatgcc	actagccctg	ctgggcacgc	tgaggccacc	atcatcctgc	9960
acgtggagag	cccaccatat	gccaccacgg	tcccagagca	cgttccggtg	caggcagggg	10020
agacgggtgca	gctccagtg	ctgggtcacg	ggacaccccc	actcaccttc	cagtggagcc	10080
gcgtgggcag	cagccttcct	gggagggcga	ccgccaggaa	cgagctgctg	cactttgagc	10140

gtgcagcccc	tgaggactca	ggccgctacc	gctgccgggt	caccaacaag	gtgggctcag	10200
ccgaggcctt	tgccagctg	ctcgtccaag	gccctcccgg	ctctctccct	gccacctcca	10260
tcccagcagg	gtccacgccc	accgtgcagg	tcacgcctca	gctagagacc	aagagcattg	10320
gggccagcgt	tgagttccac	tgtgctgtgc	ccagcgacca	gggtacccag	ctccgttggt	10380
tcaaggaagg	gggtcagctg	cctccgggtc	acagcgtgca	ggatgggggtg	ctccgaatcc	10440
agaacttgga	ccagagctgc	caagggacgt	atatatgcca	ggcccatgga	ccttggggga	10500
aggcccaggc	cagtgccccag	ctggttatcc	aagccctgcc	ctcgggtgctc	atcaacatcc	10560
ggacctctgt	gcagaccgtg	gtggttggcc	acgccgtgga	gttcgaatgc	ctggcactgg	10620
gtgaccccaa	gcctcaggtg	acatggagca	aagttggagg	gcacctgcgg	ccaggcattg	10680
tgcagagcgg	aggtgtcgtc	aggatcgccc	acgtagagct	ggctgatgcg	ggacagtatc	10740
gctgcactgc	caccaacgca	gctggcacca	cacaatccca	cgtcctgctg	cttgtgcaag	10800
ccttgcccca	gatctcaatg	ccccaagaag	tccgtgtgcc	tgctggttct	gcagctgtct	10860
tcccttgcat	agcctcaggc	tacccactc	ctgacatcag	ctggagcaag	ctggatggca	10920
gcctgccacc	tgacagccgc	ctggagaaca	acatgctgat	gctgccctca	gtccgacccc	10980
aggacgcagg	tacctacgtc	tgcaccgcca	ctaaccgcca	gggcaaggtc	aaagcctttg	11040
cccacctgca	ggtgccagag	cgggtgggtg	cctacttcac	gcagaccccc	tactccttcc	11100
taccgtgccc	caccatcaag	gatgcctaca	ggaagttcga	gatcaagatc	accttccggc	11160
ccgactcagc	cgatgggatg	ctgctgtaca	atgggcagaa	gcgagtccca	gggagcccca	11220
ccaacctggc	caaccggcag	cccgaactta	tctccttcgg	cctcgtgggg	ggaaggcccg	11280
agttccgggt	cgatgcaggc	tcaggcatgg	ccacctccg	ccatcccaca	ccactggccc	11340
tgggccattt	ccacaccgtg	accctgctgc	gcagcctcac	ccagggctcc	ctgattgtgg	11400
gtgacctggc	cccggctcaat	gggacctccc	agggcaagtt	ccagggcctg	gatctgaacg	11460
aggaactcta	cctgggtggc	tatcctgact	atggtgccat	ccccaaggcg	gggctgagca	11520
gcggcttcat	aggctgtgtc	cgggagctgc	gcatccaggg	cgaggagatc	gtcttccatg	11580
acctcaacct	cacggcgcac	ggcatctccc	actgccccac	ctgtcgggac	cggccctgcc	11640
agaatggcgg	tcagtgccat	gactctgaga	gcagcagcta	cgtgtgcgtc	tgcccagctg	11700
gcttcaccgg	gagccgctgt	gagcactcgc	aggccctgca	ctgccatcca	gaggcctgtg	11760
ggcccgcagc	cacctgtgtg	aaccggcctg	acggtcgagg	ctacacctgc	cgtgcccacc	11820
tgggcccgtc	ggggttgcgg	tgtgaggaag	gtgtgacagt	gaccaccccc	tcgctgtcgg	11880
gtgctggctc	ctacctggca	ctgcccggcc	tcaccaacac	acaccacgag	ctacgcctgg	11940
acgtggagtt	caagccactc	gcccctgacg	gggtcctgct	gttcagcggg	gggaagagcg	12000
ggcctgtgga	ggacttcgtg	tccttggcga	tggtggggcg	ccacctggag	ttccgctatg	12060
agttgggggtc	agggctggcc	gttctgcgga	gcgccgagcc	gctggccctg	ggccgctggc	12120
accgtgtgtc	tgcagagcgt	ctcaacaagg	acggcagcct	gcgggtgaat	ggtggacgcc	12180
ctgtgctgcg	ctcctcgccc	ggcaagagcc	agggcctcaa	cctgcacacc	ctgctctacc	12240
tgggggggtgt	ggagccttcc	gtgccactgt	ccccggccac	caacatgagc	gtcacttcc	12300
gcggctgtgt	gggcgagggtg	tcagtgaatg	gcaaacggct	ggacctcacc	tacagtttcc	12360
taggcagcca	gggcatcggg	caatgctatg	atagctcccc	atgtgagcgc	cagccttgcc	12420
aacatggtgc	cacgtgcatg	cccgtggcg	agtatgagtt	ccagtgcctg	tgtcgagatg	12480
gattcaaagg	agacctgtgt	gagcacgagg	agaaccctg	ccagctccgt	gaaccctgtc	12540
tgcattgggg	cacctgccag	ggcacccgct	gcctctgcct	ccctggcttc	tctggcccac	12600
gctgccaaaca	aggctctgga	catggcatag	cagagtccga	ctggcatctt	gaaggcagcg	12660
ggggcaatga	tgccccctggg	cagtacggag	cctatttcca	cgatgatggc	ttcctcgcc	12720
tccttggcca	tgtcttctcc	aggagcctgc	ccgaggtgcc	cgagaccatc	gagctggagg	12780
ttcggaccag	cacagccagt	ggcctcctgc	tctggcaggg	tgtggagggtg	ggagaggccg	12840
gccaaggcaa	ggacttcatc	agcctcgggc	ttcaagacgg	gcaccttgct	ttcagggtacc	12900
agctgggtag	tggggaggcc	cgcctggtct	ctgaggaccc	catcaatgac	ggcgagtggc	12960
accgggtgac	agcactgcgg	gagggccgca	gaggttccat	ccaagtcgac	ggtgaggagc	13020
tggtcagcgg	ccgttcccca	ggtcccaacg	tggcagtcaa	cgccaagggc	agcgtctaca	13080
tcggcgggagc	ccctgacgtg	gccacgctga	ccgggggcag	atttctcctg	ggcatcacag	13140
gctgtgtcaa	gaacctgggtg	ctgcactcgg	cccgaaccgg	cgccccgccc	ccacagcccc	13200
tggacctgca	gcaccgcgcc	caggccgggg	ccaacacacg	cccctgcccc	tcgtaggcac	13260
ctgcctgccc	cacacggact	cccggggccac	gccccagccc	gacaatgtcg	agtatattat	13320
tattaatatt	attatgaatt	tttgtaagaa	accgaggcga	tgccacgctt	tgtgcttacc	13380
gccttgggct	ggactggagg	tgggcatgcc	accctcacac	acacagctgg	gcaaaggccac	13440
aaggctggcc	agcaaggcag	ggtggatggg	agtgggcacc	tcagaaagtc	accaggactt	13500
ggggctcagga	acagtggctg	ggtggggcca	gaactgcccc	cactgtcccc	ctaccaccg	13560
atggagcccc	cagatagagc	tgggtggcct	gtttctgcag	cccttgggca	gttctcactc	13620
ctaggagagc	caacctcggc	ttgtgggctg	gtgccccaca	gctacctgag	acgggcatcg	13680


```

caggagtctc tgccacccac tcaggattgg gaattgtctt tagtgccggc tgtggagcaa 13740
aaggcagctc acccctgggc aggcgggtccc catccccacc agctcgtttt tcagcaccac 13800
caccacacac caccagccc ctggcacctc ctctggcaga ctccccctcc taccacgtcc 13860
tcctggcctg cattcccacc cctcctgccc agcacacagc ctgggggtccc tccctcaggg 13920
gctgtaaggg aaggcccacc ccaactctta ccaggagctg ctacaggcag agcccagcac 13980
tgatagggcc ccgcccaccg ggccccgccc accccaggcc acatccccac ccatctggaa 14040
gtgaaggccc agggactcct ccaacagaca acggacggac ggatgccgct ggtgctcagg 14100
aagagctagt gccttaggtg ggggaaggca ggactcacga ctgagagaga gaggaggggg 14160
atatgaccac cctgccccat ctgcaggagc ctgaagatcc agctcaagtg ccatcctgcc 14220
agtggccccc agactgtggg gttgggacgc ctggcctctg tgtcctagaa gggaccctcc 14280
tgtggtcttt gtcttgattt ttcttaataa acggtgctat ccccgcc 14327

```

```

<210> 58
<211> 15
<212> PRT
<213> Homo sapiens

```

```

<400> 58
Ile Pro Thr Gly Glu Pro Cys Pro Glu Pro Leu Arg Thr Tyr Gly
  1             5             10             15

```

```

<210> 59
<211> 13
<212> PRT
<213> Homo sapiens

```

```

<400> 59
Ile Glu Ser Val Leu Ser Ser Ser Gly Lys Arg Leu Gly
  1             5             10

```

```

<210> 60
<211> 18
<212> PRT
<213> Homo sapiens

```

```

<400> 60
Ala Thr Pro Ala Gln Ala His Leu Lys Lys Pro Ser Gln Leu Ser Ser
  1             5             10             15

```

Phe Ser

```

<210> 61
<211> 15
<212> PRT
<213> Homo sapiens

```

```

<400> 61
Arg Ile Gln Ala Met Ile Pro Lys Gly Ala Leu Arg Val Ala Val
  1             5             10             15

```

<210> 62
 <211> 15
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 62
 Gly Ile Cys Gln Cys Leu Ala Glu Arg Tyr Ser Val Ile Leu Leu
 1 5 10 15

<210> 63
 <211> 17
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 63
 Glu Lys Met His Glu Gly Asp Glu Gly Pro Gly His His His Lys Pro
 1 5 10 15

Gly

<210> 64
 <211> 13
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 64
 Asp Leu Gln Asn Phe Leu Lys Lys Glu Asn Lys Asn Glu
 1 5 10

<210> 65
 <211> 19
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 65
 Val Lys Leu Gly His Pro Asp Thr Leu Asn Gln Gly Glu Phe Lys Glu
 1 5 10 15

Leu Val Arg

<210> 66
 <211> 48
 <212> ADN
 <213> Homo sapiens

<400> 66
 ttywsntggg ayaaytgytt ygarggnaar gayccngcng tnathmgn

<210> 67
 <211> 48
 <212> ADN
 <213> Homo sapiens

<400> 67
 taywsnytn cnaarwsnga rttygcngtn ccngayytng arytnccn 48

<210> 68
 <211> 16
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 68
 Phe Ser Trp Asp Asn Cys Phe Glu Gly Lys Asp Pro Ala Val Ile Arg
 1 5 10 15

<210> 69
 <211> 585
 <212> ADN
 <213> Homo sapiens

<400> 69
 gaygcncng gncartaygg ngcntaytty caygaygayg gnttyytngc nttyccnggn 60
 caygtnttyw snmgnwsnyt nccngargtn ccngaracna thgarytnga rgtnmgnacn 120
 wsnacngcnw snggnytnyt nytnctggcar ggngtngarg tnggngargc nggncarggn 180
 aargayttya thwsnytnng nytnccargay ggnccayytng tnttymgnta ycarytnngn 240
 wsnggngarg cnmgnytngt nwsngargay ccnathaayg ayggnggartg gcaymgngtn 300
 acngcnytnm gngarggngm ngmgngnwsn mgncargtn ayggnggarga rytngtnwsn 360
 ggnmgwnsnc cnggncncaa ygtngcngtn aaygcnaarg gnwsngnta yathggnggn 420
 gcncngayg tngcnacnyt nacnggnggn mgnttywsnw snggnathac nggntgygtn 480
 aaraayytng tnytncaysw ngcnmgncn ggngcncnc cncncarcc nytngayyt 540
 carcaymgng cncargcngg ngcnaayacn mgncntgyt cnwsn 585

<210> 70
 <211> 597
 <212> ADN
 <213> Homo sapiens

<400> 70
 atgaartggg tntgggcn ytntnytnytn gngcntggg cngcngcnga rmgngaytgy 60
 mgngtnwsnw snttymgngt naargaraay ttygayaarg cnmgnttyws nggnacntgg 120
 taygcnatgg cnaaraarga yccngarggn ytnttyytnc argayaayat hgtngcngar 180
 ttywsngtn aygaracngg ncaratgwsn gcncngcna arggnmgngt nmgnytnt 240
 aayaaytggg aygtntgygc ngayatggtn ggnacnttya cngayacnga rgayccngcn 300
 aarttyaara tgaartaytg gggngtngcn wsnttyytnc araarggnaa ygaygaycay 360
 tggathgtng ayacngayta ygayacntay gcngtncart aywsntgymg nytnytnaay 420
 ytngayggna cntgygcnga ywsntaywsn ttygtnttyw snmgngaycc naayggnytn 480
 ccncngarg cncaraarat hgtnmgnear mgncargarg arytntggyt ngcnmgncar 540
 taymgnytna thgtncayaa yggntaytgy gayggngmgnw sngarmgnaa yytnytn 597

<210> 71
 <211> 579

<212> ADN

<213> Homo sapiens

<400> 71

```

atgcarwsny tnatgcargc nccnytnytn athgcnnytng gnytnytnyt ngcnacnccn 60
gcncargcnc ayytnaaraa rccnwsncar ytnwsnwsnt tywsntggga yaaytgytty 120
garggnaarg ayccngcngt nathmgnwsn ytnacnytnng arccngaycc nathgtngtn 180
ccnggnaayg tnacnytnws ngtngtnggn wsnacnwsng tnccnytnws nwsnccnytn 240
aargtngayy tngtnytnga raargargtn gcnggnytn tggathaarat hccntgyacn 300
gaytayathg gnwsntgyac nttygaray tnytgygayg tnytngayat gytnathccn 360
acnggngarc cntgyccnga rccnytnmgn acntayggny tnccntgyca ytgyccntty 420
aargarggna cntaywsnyt nccnaarwsn garttygcng tnccngayyt ngarytnccn 480
wsntggytna cnacnggnaa ytaymgnath garwsngtny tnwsnwsnws nggnaarmgn 540
ytnggntgya thaarathgc ngcnwsnytn aarggnath 579

```

<210> 72

<211> 16

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 72

```

Tyr Ser Leu Pro Lys Ser Glu Phe Ala Val Pro Asp Leu Glu Leu Pro
  1                      5                      10                      15

```



11



